

ANA SELENA FERNANDEZ LUCIUS

**AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR VIA
REML/BLUP VISANDO AUMENTO DE PRODUTIVIDADE**

Dissertação apresentada ao Curso de Pós-Graduação em Agronomia, Área de Concentração em Produção Vegetal, Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Setor de Ciências Agrárias, Universidade Federal do Paraná, como parte das exigências para a obtenção do grau de Mestre em Ciências.

Orientador: Prof. Dr. Ricardo Augusto de Oliveira

CURITIBA

2012



UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARANÁ
SETOR DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA E FITOSSANITARISMO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM AGRONOMIA
PRODUÇÃO VEGETAL

PARECER

Os membros da Banca Examinadora designada pelo Colegiado do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal, reuniram-se para realizar a arguição da Dissertação de MESTRADO, apresentada pela candidata **ANA SELENA FERNANDEZ LUCIUS**, sob o título "**AValiação de Famílias de Cana-de-açúcar via REML/BLUP visando aumento de produtividade**", para obtenção do grau de Mestre em Ciências do Programa de Pós-Graduação em Agronomia - Produção Vegetal do Setor de Ciências Agrárias da Universidade Federal do Paraná.

Após haver analisado o referido trabalho e argüido a candidata são de parecer pela "**APROVAÇÃO**" da Dissertação.

Curitiba, 15 de Fevereiro de 2012.

Professora Dra. Louise Larissa May De Mio
Coordenadora do Programa

Professor Dr. Edson Perez Guerra
Primeiro Examinador

Dr. Sérgio Delmar dos Anjos e Silva
Segundo Examinador

Professor Dr. Edelclaiton Daros
Terceiro Examinador

Professor Dr. Ricardo Augusto de Oliveira
Presidente da Banca e Orientador

La imaginación es lo primero en las creaciones del arte y de la ciencia. Pero, en la ciencia, la Naturaleza siempre esta espiando sobre tu hombro.

MAX PERUTZ

Dedico

A meus pais, Adolfo (*in memoriam*) fonte de inspiração, e Maria Luisa que sempre acreditou em mim, dando-me apoio incondicional.

Aos meus irmãos: Christian e sua esposa Noelia; e Alina, que sem ela provavelmente eu teria desistido.

AGRADECIMENTOS

Primeiramente agradeço a Deus, por existir e me guiar nos momentos mais difíceis.

Ao meu orientador Prof. Ricardo Augusto de Oliveira, por ter me introduzido no fascinante mundo da cana-de-açúcar, pela oportunidade da realização deste mestrado, pelas suas explicações e principalmente pela sua paciência.

Aos meus co-orientadores Prof. Dr. João Carlos Bespalhok, Prof. Dr. Edelclaiton Daros, Prof. Dr. José Luis Camargo Zambon e Prof. Dr. Oswaldo Teruyo ldo pela contribuição neste trabalho.

Ao Prof. Dr. Átila Francisco Mógor, que desde a época da graduação, me incentivou na pesquisa científica.

À Universidade Federal do Paraná, por ter me acolhido em estes maravilhosos sete anos, outorgando conhecimento, aperfeiçoamento, e contribuindo para ser uma melhor profissional e pessoa.

Ao programa de Pós-graduação em Agronomia, seus professores, funcionários e técnicos, que com simpatia e profissionalismo contribuíram para desenvolver este trabalho.

Ao REUNI, pela concessão da bolsa de estudos.

A Rosana Amin, Simão, Pedro e Maria, minha família brasileira do coração, pela confiança e amizade.

Aos amigos e colegas da pós-graduação, pelo carinho, amizade, companheirismo e apoio em todo momento.

Aos meus amigos e familiares da Argentina, que apesar da distancia, acompanharam meus passos e estiveram ao meu lado apoiando-me sempre.

Em fim, a todas as pessoas que contribuíram direta ou indiretamente na realização deste trabalho, e que acreditaram sempre em mim.

BIOGRAFIA DA AUTORA

ANA SELENA FERNÁNDEZ LUCIUS, filha de Maria Luisa Lucius e Adolfo Armando Fernández, nasceu no dia 02 de setembro de 1985, na cidade de Posadas, capital da província de Misiones, República Argentina.

No ano de 2005 ingressou na Universidade Federal do Paraná, onde em dezembro de 2009 concluiu a graduação de Engenheira Agrônoma.

Durante a faculdade fez estágio em Anatomia Animal, Solos, Maricultura, Eqüinocultura, Olericultura e monitorias em Introdução a Engenharia Agrônoma e Agricultura Geral, sendo os professores desta última que a incentivaram a continuar com os estudos de pós-graduação.

Em abril de 2010, começou a especialização MBA em Gestão do Agronegócio, concluindo-a em novembro de 2011. Em março de 2010 ingressou no programa de Pós-graduação em Agronomia, concentração em Produção Vegetal, no Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo da Universidade Federal do Paraná.

SUMÁRIO

AGRADECIMENTOS	iv
BIOGRAFIA DA AUTORA	v
LISTA DE TABELAS.....	vii
LISTA DE FIGURAS	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO DA LITERATURA.....	3
2.1. Histórico e origem.....	3
2.2. Melhoramento da cana-de-açúcar.....	4
2.3. Etapas do melhoramento na Cana-de-Açúcar.....	5
2.4. Modelos mistos aplicado ao melhoramento de plantas.....	7
2.5. Métodos de Seleção.....	9
2.6. Seleção Individual ou Massal	10
2.7. Seleção de famílias	11
2.7. Correlação de caracteres	13
2.8. Referências.....	15
3. CAPÍTULO I	19
PROCEDIMENTOS DE SELEÇÃO NO ESTUDO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA AUMENTO DE PRODUTIVIDADE.....	19
3.1 Resumo.....	19
3.2. Abstract.....	21
3.3. Introdução	22
3.4. Material e Métodos.....	24
3.5. Resultados e Discussão	26
4. Conclusões	36
5. Referências	37
4. CAPÍTULO II	41
PERFORMANCE NA SELEÇÃO DE FAMILIAS EM DIFERENTES FASES NO MELHORAMENTO GENÉTICO DA CANA-DE-AÇÚCAR VIA REML/BLUP.....	41
4.1. Resumo.....	41
4.2. Abstract.....	42
4.3. Introdução	43
4.4. Material e Métodos.....	44
4.5. Resultados e Discussão	47
4. Conclusões	55
5. Referências	56

LISTA DE TABELAS

TABELA 3.1 Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos ¹ para as variáveis: estatura (EST em m), diâmetro (DC em cm), massa de um colmo (M1C em kg), número de colmos por touceira (NCT), massa de uma touceira (M1T em kg) e tonelada de cana por hectare (TCH), de 40 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB01. Curitiba, PR, 2012.....	26
TABELA 3.2 Valores genotípicos preditos (Vgc) a partir de 40 famílias de irmão germanos de cana-de-açúcar, da série RB01, para as variáveis: estatura (EST em m), diâmetro (DC em cm), massa de um colmo (M1C em kg), numero de colmos por touceira (NCT) e massa de uma touceira (M1T em kg). Modelo 38. Curitiba, PR, 2012.	28
TABELA 3.3 Componentes de média BLUP (a= efeito genético aditivo, u+a= valor genético aditivo e Ganho genético em %) para os 35 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para as variáveis massa de um colmo (M1C em kg), número de colmos por touceira (NCT) e massa de uma touceira (M1T kg).Modelo 38. Curitiba, PR, 2012.....	31
TABELA 3.4 Componentes de média BLUP (a= efeito genético aditivo, u+a= valor genético aditivo e ganho genético em porcentagem) para os 35 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para as variáveis: estatura (EST; m) e diâmetro (DC; cm). Modelo 38. Curitiba, PR, 2012.	33
TABELA 3.5 Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre os caracteres: massa de um colmo (M1C em kg), número de colmos por touceira (NCT), estatura (EST m), diâmetro (DC cm), massa de uma touceira (M1T kg) e tonelada de cana por hectare (TCH t.ha ⁻¹) obtido a partir das 40 famílias de irmão-germano de cana-de-açúcar, da série RB01. Curitiba, PR, 2012.....	34
TABELA 4.1. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos ¹ para tonelada de cana por hectare (TCH), em T1 e T2 precoce (P) e tardio (T), série RB01. Curitiba, PR, 2012.....	47
TABELA 4.2 Valores genotípicos (Vgc) e média geral das famílias presentes em T1, T2 precoce (P) e T2 tardio (T) para a variável tonelada de cana por hectare (TCH). Série RB01. Curitiba, PR, 2012.....	49
TABELA 4.3 Número de indivíduos selecionados dentro das famílias em T1 via método BLUPIS (variável TCH) e número de clones selecionados em T2 precoce (P) e tardio	

(T) via seleção massal em famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar. Série RB01. Curitiba, PR, 2012.....	51
TABELA 4.4 Estimativa dos coeficientes de correlação de Pearson entre T1 e T2 tardio (T), T1 e T2 precoce (P), T1 e T2 a partir de 35 famílias de irmão-germanos da série RB01. Curitiba, PR, 2012.....	52

LISTA DE FIGURAS

FIGURA 2.1 Esquema básico mostrando as etapas da seleção em um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar (adaptado de OLIVEIRA, 2007).	7
FIGURA 2.2. Esquema básico de seleção massal (ou individual). (BORÉM, 2001).....	10
FIGURA 2.3 Esquema básico de seleção de famílias (adaptado de RESENDE e BARBOSA, 2005).	11
FIGURA 4.1 Porcentagem de clones selecionados dentro das famílias nas fases do melhoramento. A) clones selecionados em T1 para constituir a fase T2. B) Clones selecionados na fase T2 para constituir a fase T3. Série RB01. Curitiba, PR, 2012.....	53

1. INTRODUÇÃO

O Brasil é atualmente o maior produtor mundial de cana-de-açúcar. Participa com aproximadamente 32% da produção total de cana no mundo, cultivadas em aproximadamente oito milhões de hectares, fornecendo açúcar e álcool para abastecer o mercado brasileiro assim como também o mercado externo (UNICA, 2011).

A importância das culturas geradoras de bioenergia, como a cana-de-açúcar, está aumentando rapidamente e é provável que desempenhe um crescente papel atribuído aos desafios ambientais e econômicos do uso de combustíveis fósseis (PAMPINI-TERZI *et al.*, 2009).

A utilização de biocombustíveis criou um cenário favorável para a pesquisa, desenvolvimento e investimentos na área agrícola, permitindo através do melhoramento de plantas, que seja possível produzir mais com menos, ou seja, maior produtividade com menor utilização de insumos e espaço.

A cana-de-açúcar tem sido cultivada em escala industrial para a produção de açúcar em 90 países ao redor do mundo por cerca de 100 anos. Mas, nos últimos 10-15 anos, a cultura tem ganhado muita atenção pelo seu potencial sem precedentes para ajudar a aliviar a demanda mundial de produção de energia sustentável (ARRUDA, 2011).

A busca por combustíveis alternativos levou a alguns países a optar por biocombustíveis, devido principalmente ao recente interesse na energia da biomassa, que gera combustíveis líquidos, tais como o etanol produzido pela fermentação de açúcares (etanol de primeira geração) extraído, principalmente, da cana-de-açúcar, do milho, da beterraba, entre outras fontes. Outra via para a produção de etanol é pela hidrólise de biomassa celulósica, com geração de glicose, a qual pode ser fermentada produzindo etanol de segunda geração, além da geração de eletricidade nas usinas, através da queima do bagaço, gerando energia térmica.

O uso da biomassa como insumo para geração de energia reveste-se de notável importância na busca de alternativas energéticas, tendo em vista que se trata de uma fonte renovável e descentralizada, que promove a geração de empregos no campo e renda adicional (MÜLLER, 2005).

Para obter variedades capazes de atender as atuais demandas energéticas, programas de melhoramento genético trabalham para o desenvolvimento de novas variedades. Alguns dos objetivos destes programas são a substituição de variedades e

a indicação de novos clones, através de experimentos, testes, análises e comparações, cujos resultados demonstram aumentos de produtividade.

O melhoramento genético foi sempre de vital importância para sustentar a rentabilidade da atividade canavieira, o que permitiu superar problemas fitossanitários, suprir demandas da indústria como o aumento da qualidade e prover materiais genéticos adaptados às diversas condições agro-ecológicas e de manejo (MARIOTTI *et al.*, 2001).

Os programas de melhoramento utilizam diversos critérios de seleção, dos quais pode se citar a seleção de famílias, que permite a obtenção de dados com maior precisão e que auxilia na identificação dos clones de cana-de-açúcar para sua recomendação e produção para os mais diversos ambientes.

O Brasil é atualmente uma referência mundial na utilização de energias limpas, onde 45 % da matriz energética é baseada em fontes renováveis, sendo que a média mundial não passa dos 14 %. As boas perspectivas requerem esforços concentrados de todo o setor, em especial dos programas de melhoramento que podem fornecer materiais elite para desenvolvimento nos mais diversos ambientes nas diferentes condições, assegurando matéria-prima para o país e porque não, no mundo inteiro.

O objetivo deste trabalho foi selecionar as melhores famílias de cana-de-açúcar, oriunda de cruzamentos bi-parentais da série RB01, para aumento de produtividade, através de modelos mistos REML/BLUP, indicar os melhores genitores a partir de valores preditos, identificar cruzamentos da série RB01 com elevados valores genotípicos e comparar a evolução das melhores famílias promissoras para aumento de produtividade nas diferentes etapas no melhoramento genético.

2. REVISÃO DA LITERATURA

2.1. Histórico e origem

O centro de origem da cana-de-açúcar tem sido reportado por diversos autores. As Ilhas do Arquipélago da Polinésia, a Nova Guiné e a Índia estão entre as regiões mais citadas, embora o exato centro de origem seja incerto. A primeira evidência do açúcar em sua forma sólida, data dos anos 500, na Pérsia (SCARPARI e BEAUCLAIR, 2008; MOZAMBANI *et al.*, 2006).

A cana-de-açúcar foi introduzida nas Américas por Cristovão Colombo na segunda expedição nos 1493, em São Domingos. Antes disso, ela havia sido introduzida por portugueses e espanhóis nas ilhas de Cabo Verde, Canárias, Madeira e São Tomé, como também na África Ocidental. Foi, contudo, a América que ofereceu à cana-de-açúcar excelentes condições para seu desenvolvimento (MOZAMBANI *et al.*, 2006; CESNICK e MIOCQUE, 2004).

No Brasil, as primeiras mudas de cana-de-açúcar foram introduzidas em 1502. Oficialmente, ela foi introduzida proveniente da Ilha da Madeira, por Martim Afonso de Souza. Em fins do século XVI, os Estados de Pernambuco e Bahia contavam com mais de uma centena de engenhos, tendo a cultura prosperado de tal modo que o Brasil, até 1650, liderou a produção mundial de açúcar, com grande penetração no mercado europeu (CESNICK e MIOCQUE, 2004).

Descrita por Linneu, em 1753, que a classificou como *Saccharum officinarum* e *Saccharum spicatum*, era conhecida como um membro da família das gramíneas. Cronquist, em 1981 a classificou como *Poaceae*, cuja classificação permanece até a atualidade. *Saccharum officinarum* é a base dos programas de melhoramento, capazes de acumular altos níveis de sacarose no colmo, mas pouca resistência às doenças. A alta suscetibilidade levou as nações produtoras de cana-de-açúcar a iniciar programas de melhoramento através da hibridação entre as diferentes espécies do gênero *Saccharum*, e é por isto que a terminologia taxonômica atual dos cultivares de cana é *Saccharum* spp., já que não se cultiva comercialmente cana-de-açúcar que não sejam fruto do melhoramento (SCARPARI e BEAUCLAIR, 2008). As cultivares atuais, classificadas como *Saccharum* spp., são híbridos formados pelo cruzamento das espécies: *S. officinarum*, *S. spontaneum*, *S. robustum*, *S. sinense* e *S. barbieri*

(DANIELS e ROACH, 1987) e são utilizadas pelos programas de melhoramento para obter cruzamentos identificando clones com melhores qualidades agronômicas (GUERRA, 2010).

2.2. Melhoramento da cana-de-açúcar

Nos primórdios da agricultura, quando os agricultores iniciaram a “domesticação” das espécies, selecionando os tipos mais desejáveis, o melhoramento realizado subjetivamente resultou nas primeiras mudanças gênicas dirigidas. Os resultados desses esforços primitivos contribuíram de forma decisiva para o processo evolucionário das espécies cultivadas. Os programas estatísticos, modernos e contemporâneos, oferecem a possibilidade de realizar estudos comparativos que permitem explorar e explicar múltiplas interações. Atualmente, com o avanço do conhecimento em genética, fisiologia, estatística, botânica, agronomia e em outras áreas, o melhoramento de plantas tem-se tornado mais ciência do que propriamente arte (BORÉM, 2001).

Com o aparecimento da gomose e do mal de “Sereh” no início do século XX e em razão da alta suscetibilidade das canas nobres a essas doenças, surgiram no mundo os primeiros programas de melhoramento genético da cana-de-açúcar. No Brasil os primeiros estudos começaram quatro séculos após o início do cultivo da cana-de-açúcar no país, no Instituto Agrônomo de Campinas, por intermédio do seu fundador Franz Dafert, em 1894-1895, com estudos de adaptabilidade e estabilidade de genótipos introduzidos da Índia (LANDELL e BRESSIANI, 2005).

Até o final dos anos 20 do século passado, o melhoramento genético da cana-de-açúcar no Brasil limitava-se aos estudos de variedades introduzidas de países como a Índia, cujas variedades levavam a sigla CO, de Java, com a sigla POJ, e dos Estados Unidos, com a sigla CP. Ao final da década de 30, os resultados experimentais indicavam ser a variedade CO290 superior quando comparadas às POJs e CPs. A partir das décadas de 40 e 50, foram avaliados os primeiros genótipos desenvolvidos pelos programas da Estação Experimental de Campos, sigla CB, e pelo programa do Instituto Agrônomo de Campinas sigla IAC, resultando nas primeiras variedades Brasileiras (SEGATO *et al.*, 2006).

No melhoramento da cana-de-açúcar, os cruzamentos são planejados preferencialmente entre clones ou variedades mais divergentes de forma a se explorar heterose. A seleção dos genitores é baseada em caracteres agronômicos e dados de

genealogia, sendo utilizado preferencialmente o cruzamento bi-parental entre variedades elite (CRESTE *et al.*, 2008).

Atualmente, os principais programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar no Brasil são: o do Instituto Agrônomo de Campinas – IAC; o do Centro de Tecnologia Canavieira – CTC; o das universidades federais que compõem a Rede Interuniversitária de Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro – RIDESA, que surgiu após a extinção do PLANALSUCAR, em 1990, sendo este programa responsável pelo desenvolvimento da cultivar RB72454, que ainda hoje exibe grande importância a nível nacional, sendo amplamente utilizada nos cruzamentos (MATSUOKA, 1988; RIDESA, 2011); e o mais recente de todos estes: Canavialis, da Monsanto, que começou no ano de 2003.

Graças ao potencial produtivo obtido através dos programas de melhoramento existentes no Brasil, é grande o número de cultivares de cana-de-açúcar a campo, o que permite a disponibilidade de cultivares adaptadas às condições específicas de solo, clima, época de colheita e manejo agrônomo (LANDELL e BRESSIANI, 2005).

2.3. Etapas do melhoramento na cana-de-açúcar

O processo de seleção é a fase mais demorada de qualquer programa de melhoramento. Desde o cruzamento até a liberação de uma nova cultivar são muitos anos através das diferentes fases. A seleção na etapa inicial, em que os indivíduos são originários de sementes sexuadas, denominadas plântulas, é a que apresenta menor eficiência, quando comparadas com as demais etapas. Isto ocorre devido às baixas herdabilidades, no sentido amplo, para a maioria dos caracteres e aos altos gastos associados ao longo tempo necessários para a avaliação de todos os indivíduos para um grande número de caracteres (LANDELL e BRESSIANI, 2005).

A escolha dos genitores e o planejamento dos cruzamentos são importantes etapas para o sucesso de um programa de melhoramento. O planejamento cuidadoso dos cruzamentos aumenta as chances de desenvolvimento de variedades superiores, pois maximiza a utilização de genes desejáveis.

Os cruzamentos entre parentais superiores, muitos dos quais são cultivares clonais já em uso comercial, seguidos por seleção individual, são os procedimentos clássicos adotados no melhoramento de plantas de espécies de propagação assexuada (RESENDE e BARBOSA, 2006).

Cada programa de melhoramento tem seu próprio método de condução experimental. A seguir será descrito o método utilizado pela RIDESA.

Após a obtenção das *plântulas* estas são transplantadas a campo, denominado de fase T1. O espaçamento utilizado pode ser de 0,50 m dentro das linhas, quando forem transplantadas individualmente, e de 0,70 a 1 m, quando transplantados em touceira. A seleção nesta primeira fase será feita entre um ano e um ano e meio depois de instalado (CESNIK e MIOCQUE, 2004).

Na fase T1 seleciona-se preferencialmente, plantas que apresentem a) mais de seis colmos por touceira; b) colmos de idade fisiológica semelhante e de diâmetro médio; c) hábito de crescimento ereto; d) tolerância às principais doenças fúngicas de ocorrência natural na região; e) ausência de florescimento e chochamento; e f) Brix semelhante ou superior ao das cultivares-padrão (MATSUOKA *et al.*, 2005).

Nas progênes híbridas são selecionados novos indivíduos superiores, os quais são denominados clones potenciais. Tais indivíduos são clonados e submetidos a teste clonal em uma ou mais gerações.

Após a seleção em T1, o material selecionado é plantado novamente em campo denominado T2, onde ocorre sua primeira propagação assexuada. Nesta fase também é avaliado em cana-planta e soca, tendo-se como variável alvo a produção de Brix por unidade de área (MATSUOKA *et al.*, 2005). Dessa fase até a liberação do material, ela recebe o nome genérico de “clone”. Um grupo de plantas originárias de uma única planta, por reprodução assexuada, constitui um clone. A reprodução assexuada pode facilitar o trabalho do melhorista, pois, identificando um tipo superior, ele pode ser perpetuado, mantendo a sua identidade genética (BORÉM, 2001).

A fase T3 consiste na avaliação de algumas centenas de clones selecionados em T2, dentro de um mesmo local ou em diferentes regiões. Esta fase se caracteriza também pelos testes de resistência a doenças, tais como mosaico e carvão, os quais podem ser realizados em casa de vegetação (PEDROZO, 2006).

Nas etapas subsequentes o tamanho da parcela aumenta como também aumentam o número de repetições e o número de locais, até chegar à fase final de experimentação (FE) onde os genótipos são avaliados em parcelas maiores, com três repetições, em vários ambientes de produção e em número suficiente de safras de produção para identificar o verdadeiro valor genotípico dos clones (FERREIRA *et al.*, 2005; LANDELL e BRESSIANI, 2005). Após a liberação comercial do clone, recebe a denominação de “variedade”.

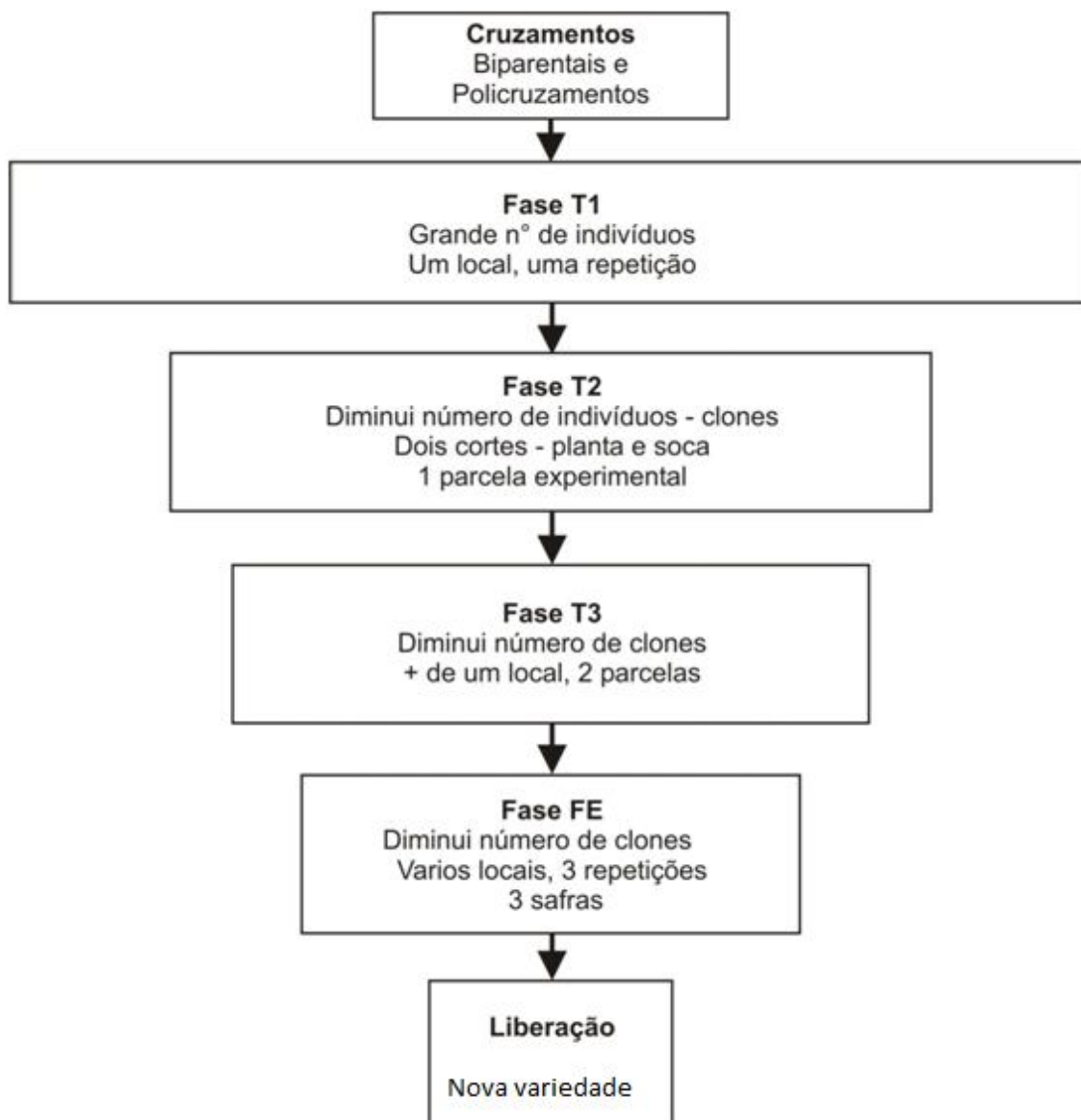


FIGURA 2.1 Esquema básico mostrando as etapas da seleção em um programa de melhoramento genético de cana-de-açúcar (adaptado de OLIVEIRA, 2007).

2.4. Modelos mistos aplicado ao melhoramento de plantas

Dados desbalanceados, que pode significar perda de plantas nas parcelas, são muito passíveis de acontecerem em experimentos a campo. As causas podem ser muitas, desde efeitos climáticos, danos causados por pragas, doenças, e até erros causados pelas pessoas responsáveis de implantação do experimento. Atualmente o trabalho com este tipo de dados desbalanceados tem sido executados através de programas e modelos estatísticos, capazes de reverter os efeitos negativos que

podem ter causado perdas parciais nos resultados. Na situação de tratamentos de efeitos aleatórios e correlacionados, tal como ocorre na experimentação e no melhoramento genético, devido ao parentesco entre tratamentos em avaliação, nenhuma garantia existe que esses delineamentos tradicionais são realmente ótimos (RESENDE, 2007).

No melhoramento de plantas, os modelos mistos tem sido utilizados, principalmente em análises de espécies florestais, a exemplo de BUENO FILHO (1997) e RESENDE *et al.*, (1996) e em cana-de-açúcar (BARBOSA *et al.*, 2005; OLIVEIRA *et al.*, 2008).

Para contornar o problema exposto deve-se adotar o procedimento REML/BLUP (máxima verossimilhança residual ou restrita/melhor predição linear não viciada) quando os efeitos dos tratamentos forem considerados aleatórios. A consideração dos efeitos dos tratamentos como aleatórios é essencial ao melhoramento genético. É a única forma de se fazer seleção genética. Caso contrário, a seleção será fenotípica e não genética. Isto porque a única forma de se eliminar os efeitos ambientais residuais embutidos nos dados fenotípicos é por meio de “*shrinkage*” ou multiplicação do valor fenotípico corrigido por uma função da herdabilidade do caráter sob seleção. Este procedimento lida naturalmente com o desbalanceamento conduzindo a estimações e predições mais precisas (RESENDE, 2006).

Em espécies de reprodução vegetativa (como a cana-de-açúcar e espécies forrageiras) o procedimento ideal de seleção de indivíduos para clonagem na fase inicial do melhoramento é o BLUP individual considerando simultaneamente as informações do indivíduo, da família, do delineamento experimental e do parentesco entre famílias e genitores. Entretanto, a informação do indivíduo geralmente não é obtida por ocasião da avaliação das famílias, as quais são avaliadas por meio de colheita total das parcelas (RESENDE, 2004).

A variabilidade genética disponível ou gerada por hibridação é originada de cruzamentos feitos em condições de temperatura e fotoperíodo controlados. Pode ser de natureza genética ou ambiental. A genética ou hereditária é de especial interesse para o melhorista; sem elas, não seria possível o melhoramento de plantas (BORÉM, 2001). Os cruzamentos mais utilizados são os simples ou biparentais, com participação de dois genitores geralmente, conhecidos pelas suas características de combinação ou pela sua aptidão em si, com a finalidade de obter populações com um nível apropriado de variabilidade e com o propósito de selecionar indivíduos

geneticamente superiores. Geralmente incorporam-se novos cruzamentos ou progenitores aleatórios, numa percentagem apropriada que não ultrapasse 20 % do total (SOPENA, 2008).

Sendo assim, a identificação e quantificação da diversidade genética existente são de grande interesse já que permitirá identificar as relações genéticas entre materiais, facilitando a seleção daquela progênie geneticamente mais distante e assegurando sua variabilidade na progênie resultante. Por outro lado, o conhecimento da base genética dos materiais é de muita utilidade para rejeitar os acessos geneticamente redundantes e estabelecer uma coleção núcleo representativa (MARIOTTI *et al.*, 2008).

O conhecimento da variabilidade fenotípica, resultado da ação conjunta dos efeitos genéticos e de ambiente, é de grande importância para o melhorista na escolha dos métodos de melhoramento, dos locais para condução dos testes de rendimento e do número de repetições, e na predição nos ganhos de seleção (BORÉM, 2001).

A seleção atua promovendo a alteração das frequências alélicas nos locos que controlam o caráter sob seleção, conduzindo a alteração na média genotípica da população na direção desejada (RESENDE, 2002a).

2.5. Métodos de Seleção

Muitos programas de melhoramento vegetal conduzem grande número de cruzamentos na expectativa que um deles resulte em uma combinação gênica superior, que possa ser selecionada e lançada como nova variedade.

O objetivo da seleção ou do melhoramento pode ser definido com o caráter econômico final, sobre o qual se deseja ganho genético, podendo, então, ser um caráter único ou uma combinação de caracteres em um agregado. O critério de seleção representa o caráter ou conjunto de caracteres em que a seleção se baseia, visando avaliar e ordenar os candidatos à seleção para o caráter objetivo do melhoramento. A definição do objetivo da seleção depende da correta avaliação do produto de interesse e de informações econômicas dos componentes deste produto, e a definição do critério de seleção depende dos parâmetros genéticos e fenotípicos (herdabilidades, repetibilidades e correlações genéticas e fenotípicas) associados aos caracteres e também das informações econômicas relativas entre os caracteres (RESENDE, 2002b).

Em cana de açúcar, a seleção é feita para caracteres de interesse econômico, como tonelada de cana por hectare e tonelada de brix por hectare, porém, estes caracteres são diretamente influenciados por outros. Para avaliar produtividade, a mensuração de parâmetros como quantidade, peso, altura, diâmetro dos colmos e peso e número das touceiras são fundamentais para estimar ganhos.

2.6. Seleção Individual ou Massal

A seleção massal é um dos mais antigos métodos de melhoramento de plantas. A preservação inconsciente das plantas mais atraentes ou mais produtivas pelos primeiros agricultores resultou na elevação da frequência de genes favoráveis (BORÉM, 2001).

Na seleção individual, também denominada de seleção massal, as plantas são selecionadas com base em seus valores fenotípicos, pois, nesta fase não há repetição. Em cana-de-açúcar, na primeira fase de seleção, cada genótipo está repetido uma vez e em um único ambiente. A seleção feita nesta etapa utiliza basicamente a habilidade do melhorista para identificar os indivíduos genotipicamente superiores. Após a seleção dos indivíduos superiores, são levados à seguinte fase do melhoramento (Figura 2.2).

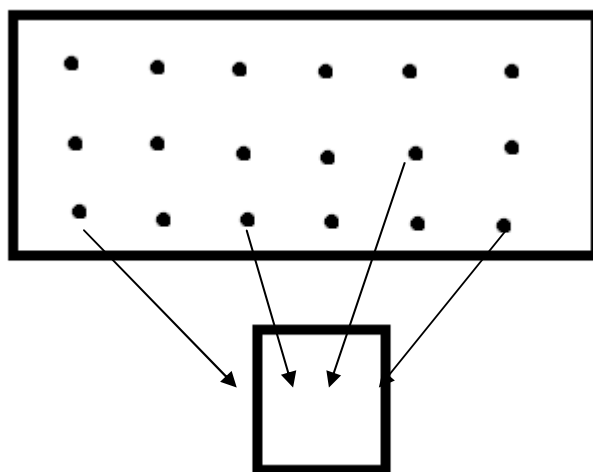


FIGURA 2.2. Esquema básico de seleção massal (ou individual) (BORÉM, 2001).

A seleção de caracteres de importância, com baixa herdabilidade baseada em plantas individuais, também é efetiva para melhorar a população, mas pode ser ainda mais eficiente se for realizada na base de famílias (LANDELL e BRESSIANI, 2005).

2.7. Seleção de famílias

O potencial da seleção de famílias ser mais eficiente que a seleção individual no estágio de planta foi identificado por Hogarth (1971), mas este tipo de seleção não é somente um método eficiente para seleção de plântulas; os resultados da seleção de famílias são também utilizados para estimar o valor genético dos genitores (STRINGER *et al.*, 2010). Isto foi demonstrado por Oliveira *et al.* (2011) e Oliveira *et al.* (2008) que selecionaram maior número de clones potenciais para caracteres quantitativos através da seleção de famílias, quando comparado à seleção massal.

A seleção de famílias pode ser adotada quando os caracteres de seleção são de baixa herdabilidade, como a seleção para produtividade de cana-de-açúcar. Este procedimento consiste em selecionar as melhores e rejeitar as piores famílias, pois a seleção em famílias com valores genotípicos superiores tende a ser mais efetiva para indicar maior proporção de genótipos promissores (Figura 2.3). Nestas famílias, o número de genótipos selecionados pode ser de acordo com os respectivos valores genotípicos, sendo que na melhor família pode ser selecionado 50 indivíduos de acordo a metodologia proposta por Resende e Barbosa (2005).

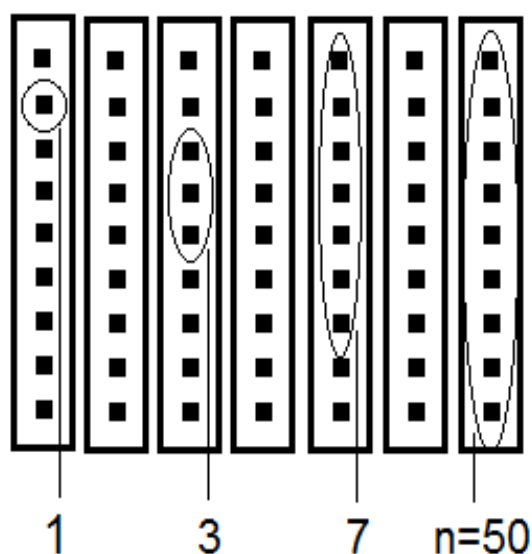


FIGURA 2.3 Esquema básico de seleção de famílias (adaptado de RESENDE e BARBOSA, 2005).

A identificação de famílias capazes de produzir genótipos superiores é altamente desejável para o desenvolvimento de novas variedades de cana-de-açúcar, especialmente quando se considera o período relativamente longo para sua liberação (OLIVEIRA, 2007).

Uma vantagem adicional da utilização de experimentos com famílias é que, além de fornecer as estimativas dos valores genotípicos para seleção das melhores famílias, podem também fornecer a estimativa dos efeitos genéticos aditivos dos genitores utilizados nos cruzamentos. Esta alternativa é muito importante para planejar os cruzamentos. O efeito genético aditivo pode ser obtido através da análise de experimentos de cruzamentos de meio-irmãos, assim como também em experimentos de famílias de irmãos completos (BARBOSA *et al.*, 2006).

Por outro lado, a variação do ambiente comum aos membros da família diminui a eficiência de sua seleção. Se este componente for grande ele tenderá a confundir as diferenças genéticas entre as famílias, tornando a seleção ineficiente. Outro fator importante, na eficiência da seleção de famílias, diz respeito ao número de indivíduos na família. Quanto maior for o seu tamanho maior será a correspondência entre o valor fenotípico médio e o valor genotípico médio. Dessa forma, as condições que irão favorecer a seleção de famílias são: baixa herdabilidade, pequenas variações atribuídas ao ambiente comum e famílias grandes (FALCONER e MACKAY, 1996).

Apesar de que ainda existe a colheita manual na cana-de-açúcar, a seleção de famílias voltou-se um procedimento mais eficaz graças aos avanços na mecanização, que permite a colheita total das parcelas, facilitando a obtenção de dados, e diminuindo tempo e mão de obra no campo (BRAUNBECK e OLIVEIRA, 2006; PEDROZO *et al.*, 2011).

O procedimento ótimo de seleção de famílias (ou cruzamentos) em cana-de-açúcar para direcionar a seleção de clones potenciais é o BLUP para os efeitos genéticos aditivos, de dominância e genotípicos, dependendo da situação. O BLUP é o procedimento que maximiza a acurácia seletiva e, portanto, é superior a qualquer outro índice de seleção combinada. O BLUP permite também o uso simultâneo de várias fontes de informação tais quais aquelas advindas de vários experimentos instalados em um ou vários locais. Para aplicação do BLUP, são necessárias estimativas de componentes de variância e de parâmetros genéticos, tais quais a herdabilidade. O procedimento ótimo de estimação desses componentes de variância é o de máxima verossimilhança residual ou restrita (REML), o qual é superior ao método da análise de variância (ANOVA) em situação de dados desbalanceados e

delineamentos não ortogonais. O procedimento ótimo de avaliação genética é, então, o REML/BLUP (RESENDE e BARBOSA, 2005).

A seleção pelo BLUP em teste de famílias possibilita a seleção de clones potenciais com base em seus valores genotípicos preditos pelo procedimento BLUP individual, onde são realizadas medições objetivas em nível de indivíduos em experimentos com repetições (RESENDE e BARBOSA, 2005).

A seleção pelo BLUPIS também é utilizada em testes de famílias em experimentos com repetições, mas não são realizadas medições em nível individual. Assim, não é possível a predição dos valores genotípicos individuais dos clones potenciais pelo procedimento BLUP individual (OLIVEIRA, 2007). Entretanto, pode-se utilizar o procedimento BLUPIS (BLUP individual simulado) desenvolvido por Resende e Barbosa (2005), o qual é uma aproximação ao BLUP individual e indica quantos indivíduos devem ser selecionados em cada família e submetidos a teste clonal.

Este tipo de procedimento pode ser utilizado quando não são tomados dados de plantas individuais. Quando não são estabelecidos testes de progênies, a seleção para caracteres de baixa herdabilidade fica prejudicada, pois somente a seleção massal pode ser aplicada (RESENDE e BARBOSA, 2005).

2.7. Correlação de caracteres

Quando a seleção para a característica de interesse é relativamente difícil, pode-se fazer seleção indireta, isto é, por meio de outras características correlacionadas com a primeira. Este critério também pode ser utilizado na escolha dos genitores, visando otimizar as características correlacionadas com a produtividade, resultando em aumentos substanciais no rendimento (BORÉM, 2001).

O conhecimento a respeito da associação entre caracteres de seleção também é de fundamental importância nos trabalhos de melhoramento, principalmente se a seleção em um deles apresenta dificuldades, em razão da baixa herdabilidade, na mensuração e/ou identificação (CRUZ *et al.*, 2004).

Quando dois caracteres apresentam correlação genética positiva e significativa, é possível obter ganhos para um deles por meio da seleção direta no caractere associado. Entretanto, se um caráter correlacionar-se negativamente com alguns e positivamente com outros, deve-se tomar o cuidado de, ao selecionar esse, não provocar mudanças indesejáveis em outros (CRUZ *et al.*, 2004).

Trabalhos realizados por Pedrozo (2006) e Silva *et al.* (2008), demonstraram que selecionando número e altura de colmos e diâmetro do colmo em plantas de cana-de-açúcar, teriam efeitos positivos para a seleção de indivíduos potenciais para tonelada de cana por hectare e para peso médio dos colmos, respectivamente.

Sabe-se que estimativas de correlação fenotípica se prestam mais à orientação em um programa de melhoramento, enquanto que as genéticas são muito mais úteis em representar os verdadeiros valores das associações entre caracteres. Desta forma, a obtenção de estimativas de correlações genéticas deve ser preferida, sempre que possível, uma vez que fornece informações mais precisas, elevando assim, as possibilidades de seleção de genótipos superiores, e consequentemente, o desenvolvimento de novas cultivares (PEDROZO, 2006).

2.8. Referências

- ARRUDA, P. Perspective of the Sugarcane Industry in Brazil. **Tropical Plant Biology**. v.4, p.3-8, 2011.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; PETERNELLI, L. A. Selection of sugarcane families and parents by REML/BLUP. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 5, p. 443-450, 2005.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; SILVA, F. L.; FIGUEREIDO, I. C. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.4, p.218-226, 2006.
- BORÉM, A. **Melhoramento de plantas**. Viçosa: UFV 3 ed., 2001. 500p.
- BRAUNBECK, O. A.; OLIVEIRA, J. T. A. Colheita de cana-de-açúcar com auxílio mecânico. **Engenharia Agrícola**, Jaboticabal, v.26, n.1, p.300-308, 2006.
- BUENO FILHO, J. S. S. **Modelos mistos na predição de valores genéticos em testes de progênies florestais**. Piracicaba, SP: ESALQ. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba. 118p. 1997.
- CESNIK, R.; MIOCQUE, J. **Melhoramento da cana-de-açúcar**. Embrapa Informação Tecnológica: Brasília, DF. 2004. 307p.
- CRESTE, S.; ROSA JUNIOR, V. E.; PINTO, L. R.; ALBINO, J. C.; FIGUEIRA, A. V. O. A biotecnologia como ferramenta para o melhoramento genético. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Campinas, SP: Instituto Agronômico. p.156-176. 2008.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J., CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados no melhoramento genético**. 3 ed. Viçosa: Editora UFV, 2004. 460p.
- DANIELS, J.; ROACH, B. T. Taxonomy and evolution. In. HEINZ, D. J. (Ed). **Sugarcane improvement through breeding**. Amsterdam: Elsevier, 1987. p.7-84.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. London: Longman, 1996. 464p.
- FERREIRA, A., BARBOSA, M. H. P., CRUZ, C. D., HOFFMANN, H. P., VIEIRA, M. A. S.,

BASSINELLO, A. I.; SILVA, M. F. Repetibilidade e número de colheitas para seleção de clones de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.40, p.761-767, 2005.

GUERRA, E. P. **Avaliação da adaptabilidade e estabilidade de clones precoces de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.)** 2010. 132f. Tese (Doutorado em Agronomia) Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

HOGARTH, D. M. Quantitative inheritance studies in sugarcane; II: correlations and predicted responses to selection. **Australian Journal Agriculture**, v.22, p.103-109, 1971 (abstract).

LANDELL, M. G. A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Campinas, SP: Instituto Agronômico. p.101-155. 2008.

MARIOTTI, J. A., CUENYA, M. I.; GARCÍA DE SALAS, M. B. The performance of families in breeding for quality traits in sugarcane. **Proceedings International Society Sugar cane Technologists**. v.24. p.495-499.2001.

MARIOTTI, J. A.; COLLAVINO, N. G., POCOVÍ, M. I., LOCATELLI, F. M., PACHECO, M. G., DÍAZ, D., RÍOS, R. D. Aplicación de Técnicas Isoenzimáticas y Moleculares en el Programa de Mejoramiento Genético de la Caña de Azúcar. **IDIA XXI Cultivos Industriales**, nº10, p.6-9, 2008.

MATSUOKA, S. O. O programa de variedades da cana-de-açúcar do Planalsucar. **Brasil açucareiro**. v.106, n.1,1988.

MATSUOKA, S.; GARCIA, A. A. F.; ARIZONO, H. Melhoramento da cana-de-açúcar. In: Borém, A. (Ed). **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa, MG: UFV, p.225-274, 2005.

MOZAMBANI, A. E.; SEGATO, S. V.; MATTIUZ, C. F. M. Aspectos fenológicos da cana-de-açúcar. In (org) SEGATO, S. V.; PINTO, A. S.; JENDIROBA, E.; NÓBREGA, J. C. M. **Atualização em produção de Cana-de-Açúcar**. Piracicaba, SP: CP 2, p.11-18. 2006.

MÜLLER, M. D. **Produção de madeira para geração de energia numa plantação clonal de eucalipto em Itamarandiba, MG**. 2005. 108 f. Tese (Doutorado em Ciências Florestais) Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais.

OLIVEIRA, R. A DE. **Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/BLUP**. 2007. 142p. Tese (Doutorado em Agronomia), Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; RESENDE, M. D. V.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T. I.; WEBER, H.; ZENI-NETO, H. Seleção via procedimento BLUPIS versus seleção massal em cana-de-açúcar. In: Congresso Nacional da STAB, 2008, Maceió. **Anais...** Maceió – STAB, p.537-541, 2008.

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; DE SOUZA, T. R.; FERNANDEZ LUCIUS, A. S. Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. **Bragantia**, v. 70, n. 4, p.1-5, 2011.

PAMPINI-TERZI, F.; ROCHA, S. F. R.; R. VENCIO, Z. N.; FELIX, J. M.; BRANCO, D. S.; WACLAWOVSKY, A. J.; DEL BEM, L. E.; LEMBKE, C. G.; COSTA, M.; NISHIYAMA, M. Y.; VICENTINI, R.; VICENTZ, M. G. A.; ULIANS, E. C.; MENOSSI, M.; SOUZA, G. M. Sugarcane Genes Associated With Sucrose Content. **BMC Genomics**. v.1, p.10-21, 2009.

PEDROZO, C. A. **Eficiência da seleção em fases iniciais no melhoramento da cana-de-açúcar**. 2006. 109f. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais.

PEDROZO, C. A.; BARBOSA, M. H. P.; DA SILVA, F. L.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A. Repeatability of full-sib sugarcane families across harvests and the efficiency of early selection. **Euphytica**, .v. 5, n.1 ,2011

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica : Brasília, 2002a. 975p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica : Brasília, 2002b. 975p.

RESENDE, M. D. V. **Métodos estatísticos ótimos na análise de experimentos de campo**. Embrapa Florestais: Colombo, 2004. 65 p. (Documentos 100).

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN - REML/BLUP. Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos**. Embrapa Florestas : Colombo, PR, 2006. 359p.

RESENDE, M. D. V. **Matemática e Estatística na Análise de Experimentos e no Melhoramento Genético**. Colombo: Embrapa Florestas, 2007. 703p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Colombo: Embrapa Florestas. 2005. 130 p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, p. 421-429, 2006.

RESENDE, M. D. V.; PRATES, D. F.; JESUS, A.; YAMAADA, C. K. Melhor predição linear não viciada (BLUP) de valores genéticos no melhoramento de *Pinus*. **Boletim de Pesquisa Florestal**. Colombo. n.32/33, p.3-22. 1996.

RIDESA - Rede Interuniversitária para Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro. Vários documentos. 2011. Disponível em: <<http://www.ridesa.com.br>>. Acesso em 05/11/2011.

SCARPARI, M. S.; BEAUCLAIR, E. G. F. Anatomia e botânica. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Campinas, SP: Instituto Agronômico, p.47-56. 2008.

SEGATO, S. V.; PINTO, A. S.; JENDIROBA, E.; NÓBREGA, J. C. M. **Atualização em produção de Cana-de-Açúcar**. Piracicaba, SP: CP 2, p.11-18. 2006.

SILVA, G. C.; DE OLIVEIRA, F. J.; DE MELO, L. J. O. T.; SIMÕES NETO, D. E. Estimativas de correlações e parâmetros genéticos em clones de cana-de-açúcar no litoral norte da zona da mata em Pernambuco. In: Congresso Nacional da STAB, 2008, Maceió. **Anais...** Maceió – STAB, p.487-491, 2008.

SILVA, M. A., SOARES, R. A. B., LANDELL, M. G. A., CAMPANA, M. P. Agronomic performance of sugarcane families in response to water stress. **Bragantia** v.67 n.3 pp. 655-661, 2008.

SOPENA, R. A. Mejoramiento Genético de Caña de Azúcar. **IDIA XXI Cultivos Industriales**. n°10, p.23-28, 2008.

STRINGER, J. K.; COX, M. C.; ATKIN, F. C.; WEI, X., HOGARTH, D. M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. **Proceedings Australian Society Sugar Cane Technologists**. v.27, p.1-9. 2010.

UNICA, União da Indústria da Cana-de-Açúcar. Disponível em: <<http://www.unica.com.br>>. Acesso em 01/10/2011.

CAPITULO I

CARACTERES DE SELEÇÃO NO ESTUDO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA AUMENTO DE PRODUTIVIDADE

3. CAPÍTULO I

CARACTERES DE SELEÇÃO NO ESTUDO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR PARA AUMENTO DE PRODUTIVIDADE

3.1. RESUMO

O objetivo deste trabalho foi estimar variáveis diretamente relacionadas com a produtividade da cana-de-açúcar, selecionando as melhores famílias da série RB01, proveniente de cruzamentos biparentais, bem como seus genitores, a partir de valores preditos utilizando modelos mistos REML/BLUP e identificar os cruzamentos com elevados valores genéticos para aumento da produtividade. Foram utilizadas 35 famílias oriundas de cruzamentos realizados na Estação de cruzamentos Serra do Ouro, Murici - Alagoas, da série RB01. O trabalho foi conduzido na estação experimental de Paranavaí, Noroeste do Estado do Paraná. Adotou-se a metodologia REML/BLUP, onde o REML estimou a variância genética e o BLUP a predição dos valores genéticos das famílias e genitores utilizados. O delineamento estatístico utilizado foi Blocos Incompletos, com três repetições por família. Cada parcela foi composta por 15 plantas. Para seleção de famílias superiores visando aumento da produtividade foram consideradas as variáveis: estatura (EST), diâmetro (DC em cm), massa de um colmo (M1C em kg), número de colmos por touceira (NCT), massa de uma touceira (M1T em kg) e tonelada de cana por hectare (TCH t.ha⁻¹). De acordo com os resultados obtidos, verificou-se que a herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) apresentaram medias e baixas magnitudes para as variáveis analisadas (0,18; 0,13; 0,10; 0,09; 0,04; e 0,35), respectivamente. Enquanto que em nível de famílias a herdabilidade média das famílias no sentido amplo (h_{mf}^2) foram de media e alta magnitude (0,74; 0,72; 0,59; 0,67; 0,41; e 0,94). As correlações genotípicas entre as variáveis avaliadas foram positivas e significativas, indicando que plantas com alto

valor para M1T seriam as melhores para aumento de produtividade. Ao realizar a seleção de famílias com valores genotípicos acima da média experimental, estima-se ganhos significativos para as cinco melhores famílias para M1T originadas dos cruzamentos biparentais SP80-3280 e RB855559, RB72454 e SP70-1143, SP80-3280 e RB835486, RB72454 e RB835486, SP80-1816 e RB855156.

Palavras-chave: *Saccharum spp.*, correlação genética, herdabilidade, melhoramento da cana-de-açúcar, modelos mistos.

CHARACTERS SELECTION IN THE STUDY OF SUGARCANE FAMILIES TO INCREASE PRODUCTIVITY

3.2. ABSTRACT

The aim of this work was to estimate variables directly related to sugarcane productivity, selecting superior families from RB01 series, from biparental crosses, as well as their parents, through the predicted values using REML/BLUP mixed models. Were used 35 families originated from crosses made in Serra do Ouro, Murici city, in Alagoas state, from RB01 series. The work was established in the experimental center of Paranavaí, in the northwest of Paraná state. The REML/BLUP methodology was adopted, whit the REML used for estimation of the genetic variance, and the BLUP for the estimation of genetic values of families and parental used. The experimental statics design used was incomplete blocks, whit three replications per family. Each replication was composed by 15 plants. For selections of superior families seeking to increase the productivity were considerate height (EST), diameter (DC in cm), mass of one culm (M1C in kg), number of culm per plant (NCP) and mass of culm per plant (M1T in kg). According to the obtained results, the analyzed characters showed individual heritability (h_a^2) from lows and mediums magnitudes to all characters analyzed (0,18; 0,13; 0,10; 0,09, 0,04 and 0,35), respectively. While that level of families to average family heritability (h_{mf}^2) were medium to high (0,74; 0,72; 0,59; 0,67, 0,41 and 0,94). The genotypic correlations between M1C, NCT, M1T, EST, DC e TCH were positive and significant, indicating that plants with high value for M1T would be most productive for increase productivity. The selection of families with genotypic values greater than the average trial, it is estimated significant profits of M1T originated from biparental crosses: SP80-3280 and RB855559, RB72454 and SP70-1143, SP80-3280 and RB835486, RB72454 and RB835486, SP80-1816 and RB855156.

Key-words: *Saccharum spp.*, genetic correlation, herability, mixed models, sugarcane breeding.

3.3. INTRODUÇÃO

Programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar melhoram o germoplasma não só para a produção de sacarose, como também para aumentar a produtividade em antecipação de futuras tecnologias que podem permitir a produção eficiente de energia a partir de resíduos celulósicos (WACLAWOVSKY *et al.*, 2010). A cana-de-açúcar produz maior quantidade de biomassa que qualquer outra cultura agrícola no campo colhida anualmente, tornando-a candidata para fundamentar a indústria de biorefinaria (MOORE e MING, 2011).

Em cana-de-açúcar, caracteres de interesse para à agroindústria canavieira para aumento de produtividade são determinados por vários genes e são obtidos por mensurações quantitativas. Estudar a importância relativa destes caracteres é fundamental no direcionamento de cruzamentos para geração de variabilidade genética e posterior seleção, de indivíduos superiores para produção de biomassa (SILVA *et al.*, 2011).

A seleção indireta (via caracteres correlacionados) para produção de biomassa facilita a obtenção de ganhos para este caractere, em relação ao uso de seleção direta. O conhecimento da inter-relação entre as várias características consideradas importantes para a seleção podem ser úteis na elaboração de estratégias de seleção adequada de um programa de melhoramento genético da cana (SOUZA-VIERA e MILLIGAN, 2009) já que permitem que para variáveis com baixa herdabilidade, como TCH, seja possível a seleção com base em outra(s) variável(eis) (FERREIRA *et al.*, 2003). Uma destas estratégias de seleção é a seleção de famílias, que permitirá a obtenção de dados com maior precisão e que auxiliará na identificação dos clones de cana-de-açúcar para sua recomendação para os mais diversos ambientes (BRESSIANI, 2001).

A eficiência da seleção de famílias baseia-se no fato de que os desvios dos efeitos ambientais dos indivíduos tendem a se anular. Dessa forma, o valor fenotípico médio da família aproxima-se do valor genotípico médio e as vantagens obtidas serão maiores quando os desvios do ambiente constituírem uma grande parte da variância fenotípica ou, em outras palavras, quando a herdabilidade for baixa (FALCONER e MACKAY, 1996).

A seleção de famílias é particularmente útil para as características de baixa herdabilidade, porque, ao contrário dos clones, as famílias podem ser repetidas através dos anos e locais, melhorando assim as estimativas das famílias, bem como auxiliar na identificação de famílias estáveis (JACKSON e MCRAE, 1998; FALCONER e MACKAY, 1996). Não é somente um método efetivo para seleção de plântulas; os resultados dos ensaios também podem ser usados para estimar o valor genético dos parentais que produziram as famílias (STRINGER *et al.*, 2010).

Um dos procedimentos ótimos atuais de estimação/predição no melhoramento de plantas é o REML/BLUP (máxima verossimilhança restrita/melhor predição linear não tendenciosa), e que tem fornecido bons resultados para diversas espécies perenes. Se for aplicado ao estudo de famílias de maturação precoces de cana-de-açúcar, por meio do programa computacional Selegen-REML/BLUP, poderá fornecer resultados importantes para direcionar a seleção entre e dentro de famílias (OLIVEIRA, 2007).

O objetivo deste trabalho foi selecionar as famílias promissoras, da série RB01, visando o aumento em produtividade em colmos por hectare com as melhores médias estimadas, da série RB01, a partir de cruzamentos bi-parentais e selecionar os genitores para futuros cruzamentos, a partir de valores preditos utilizando modelos mistos REML/BLUP, e identificar as variáveis com maior correlação para o aumento de produtividade.

3.4. MATERIAL E MÉTODOS

No estudo, foram utilizadas 40 famílias oriundas de cruzamentos de 35 genitores provenientes da Estação de Floração e Cruzamento Serra do Ouro/UFAL/RIDESA, localizada no Município de Murici, Estado de Alagoas, Brasil (9°13' de latitude Sul, 35°50' de longitude Oeste, altitude 450 a 500 m). As plântulas a partir destas sementes foram produzidas na Universidade Federal de São Carlos (UFSCar), em Araras, Estado de São Paulo (22°18' de latitude Sul, 47°23' de longitude Oeste, altitude 611 m). Os mesmos foram enviados para a Estação Experimental de Paranavaí, no Município de Paranavaí, região Norte do Estado do Paraná (23° 34'02,75" de latitude Sul e 52° 38'53,87" de longitude Oeste, e altitude média de 450 m), para aclimação e posterior plantio em abril de 2001. A coleta da cana planta foi realizada em abril de 2002. O plantio da cana soca foi realizado em abril de 2002 e a coleta de dados foi realizada em abril de 2003, em solo classificado como LATOSSOLO VERMELHO Distrófico, segundo a EMBRAPA (1999). A adubação de base utilizada foi de 400 kg ha⁻¹, do formulado 5:25:25, na proporção de 20 kg ha⁻¹ de N, 100 kg ha⁻¹ de K₂O e 100 kg ha⁻¹ de P₂O₅. A adubação em soca foi de 400 kg ha⁻¹, do formulado 20:0:20, sendo a proporção de 80 kg de N ha⁻¹ e 80 kg de K₂O ha⁻¹ e com adubação de cobertura de 80 kg de N ha⁻¹.

A parcela experimental foi composta por 15 plantas com três repetições por família, dispostas em linhas e espaçadas em 0,5 m entre plantas e 1,40 m entre linhas.

As variáveis amostradas a campo foram estatura (EST), diâmetro (DC), massa de um colmo (M1C) em kg, número de colmos por touceira (NCT) e massa de uma touceira (M1T) em kg, que foi estimada conforme evidencia a seguinte fórmula: $M1T = M1C \times NCT$.

Para a análise utilizou-se o programa computacional: Sistema Estatístico e Seleção Genética Computarizada SELEGEN REML/BLUP, desenvolvido pela EMBRAPA (RESENDE, 2002a). Os dados foram analisados via modelos mistos REML/BLUP, onde o REML (máxima verossimilhança restrita) permitiu estimar os parâmetros genéticos e BLUP (melhor predição linear não viciada) permitiu prever os valores genéticos aditivos e genotípicos dos cruzamentos (V_{gc}), sendo obtido o efeito genotípico ($g = V_{gc} - \text{Média geral}$) para cada cruzamento, após foi determinado g_i/g_1 para cada família i , em que g_1 é o g da melhor família, sendo estimado o número de indivíduos a ser selecionado de cada família ($g_i/g_1 \times 50$).

Utilizou-se o modelo 38 associado à avaliação de famílias de irmãos germanos obtidas sob cruzamento dialélico desbalanceado, no delineamento de blocos incompletos, com várias plantas por parcela (RESENDE, 2006):

$$y = Xr + Za + Wp + Sf + Tb + e$$

Em que:

y : vetor de dados; r : vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; a : vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios); p : é o vetor de efeitos de parcelas (aleatórios); f : vetor dos efeitos genéticos de dominância associado a famílias de irmãos germanos (assumidos como aleatórios); b : vetor dos efeitos dos blocos incompletos (aleatórios); e e : vetor de erros ou resíduos (aleatórios).

X , Z , W , S , e T = representam as matrizes de incidência para os efeitos de r , a , p , f , e b , respectivamente.

O modelo 35 utiliza uma planta por parcela, a diferencia do 38 (varias plantas por parcela), em blocos incompletos para genitores não aparentados (RESENDE, 2002a), levando em consideração o seguinte modelo estatístico:

$$y = Xr + Za + Wf + Sb + e$$

Em que y é o vetor de dados, r é o vetor dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral, a é o vetor dos efeitos genéticos aditivos individuais (assumidos como aleatórios), f é o vetor dos efeitos de dominância de família de irmãos germanos (aleatórios), b é o vetor dos efeitos de bloco (aleatórios), e e é o vetor de erros ou resíduos (aleatórios). As letras maiúsculas representam as matrizes de incidência para os referidos efeitos.

Este modelo fornece a indicação do número de indivíduos a serem selecionados dentro da cada família, pelo procedimento BLUP individual simulado (BLUPIS), conforme desenvolvido por Resende e Barbosa (2006). É utilizado para colheita total das parcelas, trabalhando com as médias das mesmas. Foi utilizado para estimar tonelada de cana por hectare (TCH ha⁻¹).

Em seguida, foram estimados os coeficientes de correlação genotípica entre seis variáveis (EST, DC, M1C, NCT, M1T e TCH), sendo feita posteriormente análise de significância pelo teste t de Student.

3.5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Pelos resultados obtidos (Tabela 3.1), observou-se que a maior herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2) foi para TCH (0,35), sendo a única variável que apresentou magnitude média. As demais variáveis foram classificadas como de baixa magnitude, para EST (0,18), DC (0,13), M1C (0,10), NCT (0,09), e M1T (0,04), segundo Resende (2002b)

TABELA 3.1 Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos¹ para as variáveis: estatura (EST em m), diâmetro (DC em cm), massa de um colmo (M1C em kg), número de colmos por touceira (NCT), massa de uma touceira (M1T em kg) e tonelada de cana por hectare (TCH), de 40 famílias de irmãos germanos de cana-de-açúcar, da série RB01. Curitiba, PR, 2012.

Parâm.	EST	DC	M1C	NCT	M1T	TCH*
σ_a^2	0,0309	0,0216	0,0077	1,1457	0,3977	103,4811
σ_{par}^2	0,0107	0,0036	0,0040	0,0800	0,2412	64,3298
σ_d^2	0,0083	0,0097	0,0036	0,2081	0,2534	30,3648
σ_{bl}^2	0,0029	0,0007	0,0001	0,0032	0,0037	-
σ_e^2	0,1107	0,1273	0,0579	10,6584	8,7893	90,6975
σ_y^2	0,1634	0,1629	0,0732	12,0954	9,6852	288,8733
h_a^2	0,188 +- 0,040	0,132 +- 0,033	0,105 ± 0,030	0,094 ± 0,028	0,041 ± 0,018	0,358 +- 0,176
h_g^2	0,3924	0,3713	0,3024	0,1635	0,1457	0,7787
C_{par}^2	0,0653	0,0220	0,0539	0,0066	0,0249	-
C_{fam}^2	0,0509	0,0596	0,0493	0,0172	0,0262	0,1051
C_{bloc}^2	0,0177	0,0043	0,0006	0,0003	0,0004	0,2227
σ_p^2	0,01833	0,01151	0,0075	0,7809	0,4522	82,105
h_{mf}^2	0,74241	0,72967	0,5917	0,6759	0,4196	0,9451
PEV	0,0047	0,0031	0,0016	0,1867	0,1176	4,5113
SEP	0,0687	0,0558	0,0399	0,4321	0,3429	2,1240
Ac_{fam}	0,8616	0,8542	0,7692	0,8221	0,6478	0,9721
$CV_{gi}\%$	8,4565	5,0447	11,4090	12,7040	13,0714	18,8142
$CV_e\%$	8,6276	5,3184	16,4140	15,2370	26,4990	20,1398
$CV_r\%$	0,9802	0,9485	0,6950	0,8338	0,4933	0,9342
Média	1,6011	2,1263	0,54714	5,9745	3,4595	48,1616

Nota ¹ Herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2), herdabilidade individual no sentido amplo (h_g^2), herdabilidade da média da família no sentido amplo (h_{mf}^2), variância genética aditiva (σ_a^2), variância entre parcelas (σ_{par}^2), variância genética de dominância entre famílias (σ_d^2), variância entre blocos (σ_{bl}^2), variância residual entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica individual (σ_y^2), coeficiente de determinação dos efeitos das parcelas (C_{par}^2), coeficiente de determinação dos efeitos das famílias (C_{fam}^2), coeficiente de determinação dos efeitos do bloco (C_{bloc}^2), variância genotípica entre famílias (σ_p^2), variância do erro de predição dos valores genotípicos (PEV), desvio padrão do valor genotípico predito (SEP), acurácia seletiva entre famílias (Ac_{fam}), coeficiente de variação genética ($CV_{gi}\%$), coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$), coeficiente de variação relativa (CV_r) e Média Geral.* Variável analisada no Modelo 35.

De acordo com Santos *et al.* (1995) um dos parâmetros genéticos de maior utilidade para os melhoristas é a estimativa da herdabilidade (h^2), que permite antever a possibilidade de sucesso com a seleção, uma vez que reflete a proporção da variação fenotípica que pode ser herdada.

Comparando-se a seleção individual com a seleção de famílias, verificou-se que a mesma possui menor eficiência, pois as herdabilidades individuais foram inferiores as estimativas de herdabilidades em médias de famílias no sentido amplo (h^2_{mf}). Assim, demonstra-se que existe certa vantagem ao utilizar informação da família, elevando a acurácia da seleção, que variou entre 0,86 %; 0,85 %; 0,76 %; 0,82 %, 0,64 % e 0,97 % com adequada precisão entre os valores preditos e os valores verdadeiros (RESENDE, 2002b).

O coeficiente de variação genética ($CV_{gi}\%$) é um parâmetro importante, uma vez que permite inferir sobre a magnitude da variabilidade presente nas populações e em diferentes caracteres (RESENDE, 2002b)

O coeficiente de variação genética ($CV_{gi}\%$) indicou que para M1C, NCT, M1T e TCH há variabilidade com possibilidade de seleção de famílias com base nestes caracteres, pois os mesmos apresentam valores superiores a 10% (11,40%; 12,70%; 13,07% e 18,81 %, respectivamente). Valores acima de 10 % já indicam haver presença de variabilidade genética com possibilidade de seleção (RESENDE, 2002a; OLIVEIRA *et al.*, 2005).

O conhecimento sobre a variabilidade genética disponível na espécie e o entendimento de quanto determinadas características relacionam-se para a formação de genótipos com tipos agronômicos desejáveis, são pré-requisitos fundamentais para o sucesso dos programas de melhoramento genético (OLIVEIRA *et al.*, 2010).

Os valores genotípicos das 40 famílias de irmão-germanos da serie RB01 para as variáveis M1C, NCT e M1T estão representados na Tabela 3.2, utilizando-se o modelo 38 de Resende (2002a).

TABELA 3.2 Valores genotípicos preditos (Vgc) a partir de 40 famílias de irmão germanos de cana-de-açúcar, da série RB01, para as variáveis: estatura (EST em m), diâmetro (DC em cm), massa de um colmo (M1C em kg), número de colmos por touceira (NCT) e massa de uma touceira (M1T em kg). Modelo 38. Curitiba, PR, 2012.

Cruzamentos		EST (m)		DC (cm)		M1C (kg)		NCT		M1T (kg)	
Fem.	Masc.	Clas.*	Vgf	Clas.*	Vgc	Clas.*	Vgc	Clas.*	Vgc	Clas.**	Vgc
SP80-3280	RB855589	3	1,77	9	2,27	2	0,71	8	6,47	1	4,80
RB72454	SP70-1143	9	1,72	31	2,08	5	0,65	3	7,11	2	4,58
SP80-3280	RB835486	1	1,85	27	2,12	1	0,72	23	5,75	3	4,28
RB72454	RB835486	19	1,64	22	2,15	6	0,65	12	6,34	4	4,27
SP80-1816	RB855156	17	1,65	38	1,96	7	0,63	11	6,37	5	4,16
IAC82-2045	SP792233	20	1,64	2	2,37	10	0,60	1	7,15	6	4,10
RB835486	RB855127	2	1,84	5	2,32	3	0,70	25	5,65	7	4,02
RB835486	RB72454	18	1,65	13	2,19	4	0,68	18	5,88	8	3,98
SP80-3280	SP70-1284	23	1,61	1	2,44	17	0,57	13	6,29	9	3,89
RB72454	RB855035	30	1,54	3	2,32	27	0,54	7	6,55	10	3,87
RB855156	SP70-1143	12	1,68	28	2,12	26	0,55	4	6,87	11	3,80
SP70-1143	RB72454	27	1,57	19	2,16	28	0,54	6	6,84	12	3,78
RB835486	SP83-2847	8	1,74	37	1,97	8	0,63	19	5,84	13	3,76
IAC87-3396	RB72454	24	1,60	29	2,11	9	0,63	16	5,93	14	3,75
RB855186	RB865547	7	1,75	24	2,13	14	0,59	22	5,76	15	3,71
RB855589	SP80-3280	21	1,64	15	2,17	29	0,54	10	6,38	16	3,66
CO740	SP72-4829	25	1,58	18	2,16	36	0,50	2	7,11	17	3,64
RB835486	SP81-3250	14	1,67	30	2,10	16	0,58	15	6,06	18	3,57
RB72454	RB855584	22	1,61	39	1,96	20	0,57	24	5,74	19	3,51
RB72454	IAC87-3396	31	1,53	12	2,24	18	0,57	20	5,84	20	3,50
RB855546	IAC86-2210	13	1,67	20	2,16	25	0,56	21	5,84	21	3,41
RB855113	CP77-383	38	1,37	8	2,29	38	0,46	5	6,84	22	3,37
RB72454	L60-14	37	1,42	7	2,30	37	0,49	17	5,91	23	3,34
TUC71-7	RB72454	29	1,55	21	2,15	33	0,52	14	6,06	24	3,32
RB72454	IAC86-2210	33	1,49	34	1,99	21	0,57	26	5,60	25	3,31
RB745464	RB855127	6	1,75	40	1,83	24	0,56	31	5,46	26	3,30
RB855584	RB72454	34	1,48	17	2,16	22	0,57	28	5,50	27	3,27
RB72454	TUC71-7	16	1,66	35	1,97	11	0,60	34	5,33	28	3,26
RB855176	RB935903	28	1,56	6	2,31	31	0,52	27	5,55	29	3,24
RB855176	RB835345	5	1,75	16	2,17	19	0,57	29	5,50	30	3,22
RB745464	SP70-1078	36	1,46	11	2,24	39	0,43	9	6,39	31	3,20
RB72454	CP70-1133	39	1,37	33	2,01	32	0,52	33	5,41	32	3,16
RB835054	SP80-3280	4	1,76	10	2,25	13	0,59	35	5,23	33	3,15
SP80-3280	RB835054	11	1,70	26	2,13	15	0,58	37	4,94	34	3,05
RB865547	RB855186	26	1,57	36	1,97	35	0,50	39	4,78	35	3,00
RB72454	NA56-79	35	1,46	32	2,07	30	0,54	38	4,82	36	2,98
SP83-2847	RB935903	32	1,51	4	2,32	34	0,51	32	5,44	37	2,97
RB835054	SP83-2847	15	1,67	14	2,17	23	0,56	36	4,96	38	2,91
NA56-79	SP80-3280	10	1,71	23	2,15	12	0,59	40	4,45	39	2,87
RB855113	RB855054	40	1,23	25	2,13	40	0,35	30	5,49	40	2,33
Média Geral			1,6		2,2		0,6		5,9		3,5

*: Classificação das famílias com base nos valores genotípicos; **:Classificação das 40 famílias com base na variável M1T (Kg).

Selecionando famílias com valores genotípicos superiores (Vgc) estarão se selecionando famílias promissoras capazes de produzir genótipos desejáveis e produtivos. De acordo com os resultados (Tabela 3.2), para a variável estatura (EST) as cinco famílias com maiores valores de Vgc são resultante do cruzamento entre os genitores: SP80-3280 e RB835486; RB835486 e RB855127; SP80-3280 e RB855589; RB835054 e SP80-3280; e RB855176 e RB835345; representando superioridade média de 11% em relação à média experimental (1,6). Para a variável diâmetro (DC) as cinco famílias que apresentaram maiores valores genotípicos foram as oriundas dos cruzamentos entre: SP80-3280 e SP70-1284; IAC82-2045 e SP792233; RB72454 e RB855035; SP83-2847 e RB935903; e RB835486 e RB855127. A superioridade destas cinco melhores famílias foi de 7%, considerando a média experimental de 2,2.

Verifica-se que as famílias SP80-3280 e RB835486; SP80-3280 e RB855589; RB835486 e RB855127; RB835486 e RB72454; e RB72454 e SP70-1143 apresentam elevados valores genotípicos, para a variável M1C. Estas famílias apresentaram superioridade média de 15 % em relação a media experimental (0,6). Observa-se que três famílias desta variável encontram-se repetidas para a variável EST.

Para a variável NCT, verifica-se que as melhores cinco famílias que apresentam elevados valores genotípicos são resultantes dos cruzamentos entre IAC82-2045 e SP792233; CO740 e SP72-4829; RB72454 e SP70-1143; RB855156 e SP70-1143; e RB855113 e CP77-383, que representa superioridade média de 19 %

Dentre os valores genotípicos das famílias para a variável M1T (Tabela 3.2), observa-se que as primeiras cinco famílias correspondente aos cruzamentos entre: SP80-3280 e RB855589; RB72454 e SP70-1143; SP80-3280 e RB835486; RB72454 e RB835486; e SP80-1816 e RB855156 obtiveram valores superiores com ganhos estimados acima de 25 %, em relação a media geral (3,5). O cruzamento entre SP80-3280 e RB855589, que aparece na primeira posição para esta variável, encontra-se presente também entre as cinco primeiras nas outras variáveis analisadas.

Analisando as cinco variáveis em conjunto, destaca-se por estar presente dentre as cinco melhores famílias, para todas as variáveis analisadas, o cruzamento com genitor RB72454, tanto quando utilizado como genitor femenino como masculino. O fato da variedade RB72454 estar presente dentre as melhores famílias, deve se pelas suas qualidades: alta produtividade e adaptabilidade.

Considerando a média das 40 famílias para a variável M1T, observa-se que o ganho esperado com a seleção de famílias representa 50% das famílias testadas (20 famílias) com ganho acima da média que foi de 3,5. Uma forma de explorar o potencial

destas famílias seria realizar o plantio de plântulas em maior número para estas famílias, sendo posteriormente realizada a seleção individual com base nesta característica nas seguintes fases nas etapas do melhoramento (RESENDE e BARBOSA, 2006).

Considerando estas informações e a sua importância para o aumento da biomassa, verifica-se a maior probabilidade de serem obtidos genótipos superiores para EST, DC, M1C, NCT e M1T ao realizar a seleção individual dentro das famílias que apresentam ganho genético e encontram-se acima da média experimental.

Tendo em vista as variáveis analisadas, verificou-se que dos 40 cruzamentos, 60% apresentam ganhos de seleção, ou seja, 24 famílias, para o caractere EST. Para a variável DC, 13 famílias encontram-se acima da média (2,2), totalizando 32,5 % dos cruzamentos com ganhos de seleção. Para M1C foram 16 famílias (40 %) selecionadas acima da média de 0,6; para a variável NCT, 17 famílias encontraram-se acima da média experimental (5,9), representando 42,5 % dos cruzamentos e para a variável M1T 15 famílias encontram-se acima da média de 20,1, totalizando a seleção de 37,5 % das famílias estudadas.

A identificação de famílias superiores, ou seja, cujos valores genotípicos são superiores às médias gerais, são de suma importância para a identificação e seleção destes clones potenciais para a exploração comercial. Famílias com efeitos genotípicos negativos são eliminadas automaticamente, por estarem abaixo da média geral do experimento, pois haveria baixíssima probabilidade de se obter um clone promissor dentro destas famílias (RESENDE e BARBOSA, 2006).

A melhor família para EST apresentou valor genotípico (Vgc) de 1,8 (Tabela 3.2) sendo proveniente do cruzamento dos genitores SP80-3280 e RB835486. Para DC, a melhor família apresentou Vgc de 2,4, proveniente do cruzamento SP80-3280 e SP70-1284. Para M1C a melhor família com maior Vgc foi proveniente do mesmo cruzamento que para EST. Para NCT o Vgc foi de 7,1, oriundo do cruzamento entre IAC82-2045 e SP792233 e para M1T o Vgc apresentou valor de 27,5, resultado do cruzamento entre SP80-3280 e RB855589.

A Tabela 3.3 indica as famílias com os efeitos e valores genéticos aditivos e ganho genético, indicando o potencial dos genitores utilizados nos cruzamentos, obtidos pelo procedimento BLUP, analisadas através do Modelo 38, para as variáveis M1C, NCT e M1T.

TABELA 3.3 Componentes de média BLUP (a= efeito genético aditivo, u+a= valor genético aditivo e Ganho genético em %) para os 35 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para as variáveis massa de um colmo (M1C em kg), número de colmos por touceira (NCT) e massa de uma touceira (M1T kg). Modelo 38. Curitiba, PR, 2012.

Class.	M1C				NCT				M1T			
	Genitor	a	u + a	Ganho %	Genitor	a	u+a	Ganho %	Genitor	a	u+a	Ganho %
1	RB835486	0,147	0,15	258,74	SP70-1143	1,502	1,50	161,30	RB835486	0,70	0,700	172,65
2	SP80-3280	0,082	0,11	99,82	RB855589	0,975	1,24	115,45	RB855589	0,56	0,629	145,18
3	RB855127	0,061	0,10	49,13	CP77-383	0,886	1,12	94,99	SP70-1143	0,54	0,598	132,95
4	SP80-1816	0,049	0,08	19,01	SP792233	0,863	1,06	83,76	SP80-1816	0,32	0,528	105,63
5	RB855589	0,039	0,08	-4,99	IAC82-2045	0,863	1,02	77,01	SP792233	0,28	0,478	86,34
6	IAC87-3396	0,037	0,07	-9,40	SP72-4829	0,830	0,99	71,56	IAC82-2045	0,28	0,445	73,48
7	RB72454	0,034	0,06	-17,23	CO740	0,830	0,96	67,67	RB855156	0,27	0,420	63,66
8	IAC82-2045	0,029	0,06	-30,21	RB855035	0,698	0,93	61,89	SP80-3280	0,27	0,401	56,18
9	SP792233	0,029	0,06	-30,21	SP70-1284	0,618	0,90	55,84	RB855035	0,18	0,377	46,79
10	RB855156	0,023	0,05	-42,70	SP70-1078	0,480	0,85	48,60	RB72454	0,17	0,356	38,65
11	SP70-1143	0,022	0,05	-45,39	SP80-1816	0,291	0,80	39,70	SP70-1284	0,17	0,339	31,94
12	RB835345	0,015	0,05	-63,27	RB855156	0,289	0,76	32,25	SP72-4829	0,08	0,317	23,60
13	IAC86-2210	0,006	0,04	-85,31	RB855113	0,205	0,72	24,82	CO740	0,08	0,299	16,51
14	RB855176	0,006	0,04	-86,04	RB835486	0,164	0,68	17,94	CP77-383	0,07	0,283	10,20
15	RB855584	0,005	0,04	-87,02	RB855546	0,061	0,64	10,79	IAC87-3396	0,07	0,269	4,63
16	RB855546	0,004	0,04	-90,94	SP81-3250	0,005	0,60	3,93	RB855127	0,06	0,255	-0,48
17	RB835054	0,001	0,03	-98,29	RB745464	-0,001	0,56	-2,19	RB855546	0,01	0,241	-6,17
18	SP83-2847	-0,001	0,03	-102,94	L60-14	-0,045	0,53	-8,07	RB855186	-0,07	0,224	-12,83
19	RB865547	-0,002	0,03	-105,88	RB72454	-0,055	0,50	-13,41	RB865547	-0,07	0,208	-18,79
20	RB855186	-0,002	0,03	-105,88	IAC87-3396	-0,092	0,47	-18,54	SP70-1078	-0,10	0,193	-24,72
21	TUC71-7	-0,008	0,03	-119,59	RB835345	-0,302	0,43	-24,92	RB835345	-0,10	0,179	-30,17
22	SP70-1284	-0,009	0,03	-122,28	RB935903	-0,349	0,40	-31,10	L60-14	-0,12	0,166	-35,35
23	RB855035	-0,014	0,02	-133,06	TUC71-7	-0,365	0,36	-36,86	IAC86-2210	-0,13	0,153	-40,30
24	NA56-79	-0,014	0,02	-133,06	IAC86-2210	-0,381	0,33	-42,25	RB855176	-0,13	0,141	-44,90
25	CP77-383	-0,022	0,02	-153,38	RB855176	-0,422	0,30	-47,49	SP81-3250	-0,13	0,130	-49,23
26	CO740	-0,023	0,02	-157,06	SP80-3280	-0,429	0,27	-52,37	RB855584	-0,13	0,120	-53,20
27	SP72-4829	-0,023	0,02	-157,06	RB855584	-0,480	0,25	-57,24	RB745464	-0,18	0,109	-57,49
28	CP70-1133	-0,028	0,02	-167,59	SP83-2847	-0,552	0,22	-62,20	CP70-1133	-0,21	0,098	-61,97
29	SP81-3250	-0,031	0,01	-176,89	RB855186	-0,598	0,19	-67,09	TUC71-7	-0,22	0,087	-66,29
30	RB935903	-0,033	0,01	-181,05	RB865547	-0,598	0,16	-71,65	RB935903	-0,23	0,076	-70,35
31	L60-14	-0,048	0,01	-218,52	CP70-1133	-0,625	0,14	-76,08	SP83-2847	-0,26	0,065	-74,59
32	RB745464	-0,052	0,01	-228,31	RB855127	-0,676	0,11	-80,50	RB855113	-0,44	0,049	-80,75
33	SP70-1078	-0,062	0,01	-251,58	RB855054	-0,681	0,09	-84,68	RB835054	-0,50	0,033	-87,30
34	RB855054	-0,096	0,00	-334,35	RB835054	-1,119	0,05	-90,85	RB855054	-0,51	0,017	-93,53
35	RB855113	-0,118	0,00	-387,73	NA56-79	-1,788	0,00	-100,00	NA56-79	-0,56	0,000	-100,00
Média Geral		0,04			0,57				0,26			

O número de genitores acima da média observado corresponde a: 16 genitores com potencial para M1C, 16 genitores para NCT e oito para M1T. A seleção do genitor com maior valor genético aditivo, para a variável M1C foi RB835486, cujo valor genético aditivo foi de 0,15, representando ganhos de 258 % em relação à média geral (0,04). Considerando os cruzamentos realizados (Tabela 3.2) RB835486 aparece quatro vezes entre os cruzamentos acima da média geral, quando utilizada como genitor feminino e masculino. Para NCT, o genitor que apresentou maior valor genético aditivo foi SP70-1143, onde 7,15 de valor genético aditivo significa em ganhos de 21,18 % em relação à média geral, de 0,57. O mesmo genitor para M1C (RB835486) aparece na primeira posição para a variável M1T, onde o valor genético aditivo de 0,70 representa a ganhos de 172,65 % em relação à média geral de 0,26. Levando em consideração estes resultados, pode-se observar que os cruzamentos nos quais foram utilizados genitores com elevados valores genéticos aditivos, os valores genotípicos (Vgc) encontram-se acima da média. Bastos *et al.* (2003) relatou que ao considerar os genitores, com efeitos genéticos positivos, em novas campanhas de cruzamento, possivelmente se estará contribuindo para aumentar o número de alelos favoráveis na população base em que será realizada nova seleção. Sendo assim, ao realizar cruzamentos com estes indivíduos como genitores, aumentaram as probabilidades de encontrar genótipos superiores para M1C, NCT e M1T. Seguindo este entendimento, ao utilizar genitores com valores genéticos aditivos negativos, a probabilidade de encontrar genótipos abaixo da média geral é muito alta, fornecendo indivíduos desfavoráveis para a seleção. Pode-se observar isto ao ver o Vgc dos cruzamentos entre os indivíduos com menores valores genéticos aditivos, como os resultados dos cruzamentos utilizando como genitor RB855113 ou NA56-79, que aparecem com baixos Vgc quando utilizados como genitores, tanto femininos como masculinos. A utilização de genitores com valor genético aditivo baixo, mesmo quando realizado o cruzamento com algum indivíduo com alto potencial, como no caso do RB72454, fornecerá progênie com valores indesejáveis para realizar a seleção.

A Tabela 3.4 indica as famílias com os efeitos e valores genéticos aditivos e ganho genético, indicando o potencial dos genitores utilizados nos cruzamentos, calculadas a partir das médias genotípicas obtidas pelo BLUP individual analisados através do modelo 38, para as variáveis EST e DC.

TABELA 3.4 Componentes de média BLUP (a= efeito genético aditivo, u+a= valor genético aditivo e ganho genético em porcentagem) para os 35 genitores utilizados nos cruzamentos biparentais para as variáveis: estatura (EST; m) e diâmetro (DC; cm). Modelo 38. Curitiba, PR, 2012.

Class.	EST				DC			
	Genitor	a	u+a	Ganho %	Genitor	a	u+a	Ganho %
1	RB835486	0,211	0,21	141,05	RB835486	0,185	0,18	159,31
2	RB855127	0,183	0,20	125,28	RB72454	0,173	0,18	151,15
3	SP80-3280	0,167	0,19	113,74	IAC87-3396	0,116	0,16	121,78
4	SP70-1143	0,137	0,17	99,45	IAC82-2045	0,084	0,14	95,92
5	RB835345	0,108	0,16	84,13	SP792233	0,084	0,13	80,32
6	TUC71-7	0,097	0,15	71,90	RB855035	0,080	0,12	68,94
7	RB835054	0,079	0,14	60,24	CP70-1133	0,068	0,11	58,54
8	RB855176	0,073	0,13	50,64	CP77-383	0,067	0,11	50,52
9	RB855546	0,070	0,12	42,76	SP70-1284	0,052	0,10	41,95
10	RB855186	0,044	0,12	33,61	RB935903	0,050	0,10	34,78
11	RB865547	0,044	0,11	26,07	RB855113	0,049	0,09	28,74
12	SP80-1816	0,036	0,10	18,98	RB855546	0,034	0,09	22,13
13	IAC87-3396	0,034	0,10	12,81	RB855584	0,028	0,08	15,67
14	RB855156	0,030	0,09	7,21	RB855127	0,024	0,08	9,91
15	RB855589	0,027	0,09	2,18	CO740	0,017	0,07	4,14
16	SP792233	0,025	0,09	-2,39	SP72-4829	0,017	0,07	-0,92
17	IAC82-2045	0,025	0,08	-6,51	SP80-1816	0,014	0,07	-5,55
18	RB855584	0,015	0,08	-10,73	RB855176	0,005	0,06	-10,47
19	SP83-2847	0,014	0,07	-14,51	NA56-79	0,000	0,06	-15,11
20	RB855035	0,002	0,07	-18,73	IAC86-2210	-0,017	0,06	-20,59
21	IAC86-2210	-0,005	0,07	-22,85	RB835345	-0,018	0,05	-25,51
22	CO740	-0,013	0,06	-27,08	RB855054	-0,018	0,05	-30,15
23	SP72-4829	-0,013	0,06	-30,85	SP83-2847	-0,022	0,05	-34,51
24	RB745464	-0,016	0,06	-34,51	RB855156	-0,037	0,04	-39,42
25	NA56-79	-0,030	0,05	-38,51	RB855589	-0,039	0,04	-44,06
26	SP81-3250	-0,034	0,05	-42,28	RB855186	-0,057	0,04	-49,26
27	SP70-1284	-0,074	0,05	-47,54	RB865547	-0,057	0,03	-54,18
28	CP77-383	-0,077	0,04	-52,57	TUC71-7	-0,059	0,03	-58,68
29	RB935903	-0,109	0,04	-58,51	SP80-3280	-0,062	0,03	-63,18
30	L60-14	-0,112	0,03	-64,23	SP81-3250	-0,068	0,02	-67,53
31	SP70-1078	-0,131	0,03	-70,17	L60-14	-0,071	0,02	-71,89
32	RB72454	-0,134	0,02	-75,88	RB835054	-0,101	0,02	-77,09
33	CP70-1133	-0,161	0,02	-82,17	SP70-1078	-0,140	0,01	-83,84
34	RB855054	-0,219	0,01	-90,06	SP70-1143	-0,184	0,01	-91,85
35	RB855113	-0,295	0,00	-100,00	RB745464	-0,197	0,00	-100,00
Média Geral			0,09				0,07	

O número de genitores acima da média observado corresponde a 16 para EST e 17 para DC. O genitor com maior valor genético aditivo, para a variável EST foi RB835486, sendo o mesmo genitor que para as variáveis M1C e M1T, com valor genético aditivo de 0,21, representando ganhos de 141,05 % acima da média (0,09). Este mesmo genitor posiciona-se no primeiro lugar para a variável DC, com valor genético aditivo de 0,18, com ganho de 159,31 % acima da média (0,07).

Levando em consideração estes resultados, o uso de repetições é particularmente essencial em um programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar, para elevar a herdabilidade a um nível significativo. Os resultados podem não ser iguais quando testados em outros ambientes, como constatado por Barbosa *et al* (2004), que utilizou REML/BLUP para indicar famílias potenciais para produtividade, onde famílias com valores positivos neste estudo, obtiveram valores de efeito genético aditivo negativo.

A seleção de parentais é um das etapas mais importantes para aumento do ganho genético em qualquer programa de melhoramento genético (ATKIN, 2009). Genótipos com elevados valores genéticos aditivos podem ser prontamente utilizados como parentais em futuros cruzamentos, tendo como objetivo melhorar as populações obtidas nos respectivos cruzamentos. Esta estratégia pode proporcionar maior probabilidade de encontrar clones elites dentro das famílias originadas de genitores de elevado valor genético aditivo (RESENDE, 2002b; BARBOSA *et al.*, 2004).

As estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre as variáveis M1C, NCT, EST, DC, M1T e TCH estão representados na Tabela 3.5.

TABELA 3.5 Estimativas dos coeficientes de correlação genotípica entre os caracteres: massa de um colmo (M1C em kg), número de colmos por touceira (NCT), estatura (EST m), diâmetro (DC cm), massa de uma touceira (M1T kg) e tonelada de cana por hectare (TCH t.ha⁻¹) obtido a partir das 40 famílias de irmão-germanos de cana-de-açúcar, da série RB01. Curitiba, PR, 2012.

Variável	NCT	EST (m)	DC (cm)	M1T (kg)	TCH (t.ha ⁻¹)
M1C (kg)	0,06 ^{ns}	0,81 ^{**}	0,33 ^{**}	0,71 ^{**}	0,71 ^{**}
NCT		-0,01 ^{ns}	0,07 ^{ns}	0,70 ^{**}	0,58 ^{**}
EST (m)			-0,10 ^{ns}	0,49 ^{**}	0,41 ^{**}
DC (cm)				0,24 ^{**}	0,40 ^{**}
M1T (kg)					0,91 ^{**}

^{**} Significativo a 1% de probabilidade (p<0,01) ^{ns}: não significativo

A correlação entre caracteres indica o grau de associação destes caracteres, tendo importância no melhoramento, pois reflete o quanto que a seleção para um determinado caráter pode influenciar em outro (RESENDE, 2002b). A importância da correlação entre características reside na possibilidade de se avaliar o quanto a alteração em um caráter pode afetar os demais. Se a seleção de um caráter é dificultada pela baixa herdabilidade ou por problemas de mensuração e identificação, esse tipo de conhecimento é importante nas diferentes etapas dos programas de melhoramento (CRUZ *et al.*, 2004).

Ao realizar correlação entre as variáveis M1C, NCT, EST, DC e M1T, analisadas pelo Modelo 38, observou-se a presença de correlação positiva e significativa para as correlações das variáveis com M1T, demonstrando assim que selecionando famílias com M1C e NCT elevado, estarão se selecionando famílias com alto índice de M1T. Ao correlacionar as variáveis com TCH, analisado pelo Modelo 35, pode-se observar que as correlações também são positivas e significativas, sendo M1T a que apresentou valor próximo à unidade. Isto indica que selecionando indivíduos com alto índice de M1T, estará se selecionando famílias com alta produtividade. Ferreira *et al.* (2007) relata que com base nos resultados obtidos, os componentes avaliados estão fortemente associados positivamente e significativamente, o que implica na possibilidade de seleção simultânea ou indireta para estes caracteres. Quando é feita seleção de caracteres primários, tais como massa de um colmo (M1C) ou massa de uma touceira (M1T), a seleção está sendo feita para diversas características secundárias, como TCH, que influenciam a característica secundária mais do que para a característica principal em si. As associações genéticas e fenotípicas entre as características secundárias são de interesse prático, uma vez que a seleção para uma das características terá um efeito simultâneo sobre as características relacionadas (SOUZA-VIEIRA e MILLIGAN, 2005). Isto indica que selecionando famílias considerando ganhos em M1T obter-se-ão ganhos também na seleção de famílias com alto índice de produtividade (TCH).

4. CONCLUSÕES

A seleção de famílias com valores genotípicos acima da média experimental possibilitou ganhos significativos para selecionar famílias com elevada produtividade agrícola. Considerando as variáveis analisadas, as melhores cinco famílias promissoras para aumento de produtividade foram obtidas através dos seguintes cruzamentos: SP80-3280 e RB855589; RB72454 e SP70-1143; SP80-3280 e RB835486; RB72454 e RB835486; e SP80-1876 e RB855156

A identificação de cruzamentos com valores genotípicos acima da média para massa de uma touceira permite selecionar indivíduos com alto potencial para produtividade.

A seleção de famílias por meio de modelos mistos REML/BLUP pode ser uma estratégia importante para identificar famílias com elevados valores genotípicos, onde haveria maior probabilidade de seleção de genitores potenciais para aumento de produtividade e permite prever os valores genéticos aditivos dos genitores com base na performance de sua progênie.

5. REFERÊNCIAS

- ATKIN, F. C.; DIETERS, M. J.; STRINGER, J. K. Impact of depth of pedigree and inclusion of historical data on the estimation of additive variance and breeding values in a sugarcane breeding program. **Theor Appl Genet.** v.119, p.555-565, 2009.
- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; SILVA, F. L.; FIGUEIREDO, I. C. R. Use of Reml/Blup for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology** : Viçosa, v.4, p.218-226, 2004.
- BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; CRUZ, C. D.; BURNQUIST, W. L.; BRESSIANI, J. A.; SILVA, F. L. Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, v.62, p.199-206, 2003.
- BRESSIANI, J. A. **Seleção sequencial em cana-de-açúcar**. 2001. 159f. Tese (Doutorado em Agronomia), Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa:UFV, 2004. 480p.
- EMBRAPA. Centro Nacional de Pesquisa de Solos. **Sistema brasileiro de classificação de solos**. Brasília, 1999. 412 p.
- FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. London: Longman, 1996. 464p.
- FERREIRA, F. M.; BARROS, W. S.; DA SILVA, F. L.; BARBOSA, M. H. P.; CRUZ, C. D.; BASTOS, I. T.; BURNQUIST, W. L.; BRESSIANI, J. A.; SILVA, F. L. Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, v.62, p.199-206, 2003.
- JACKSON, P. A., McRAE, T. A. Gains from selection of broadly adapted and specifically adapted sugarcane families. **Field Crops Research**. v. 59, p.151-162, 1998.
- LEITE, M. S. O.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P.; CECON, P. R.; CRUZ, C. D. Sample size for full-sib family evaluation in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p.1562-1574, 2009.

MOORE, P. H.; MING, R. Sugarcane Breeding and Biotechnology to Feed the emergent Sugarcane Biorefinery Industry. **Tropical Plant Biology**. v. 4, n.1, p.1-2, 2011.

OLIVEIRA, R. A.; RESENDE, M. D. V.; DAROS, E.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T.; WEBER, H.; KOEHLER, H. S. Genotypic evaluation and selection of sugarcane clones in three environments in the State of Paraná. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.5, p.426-434, 2005.

OLIVEIRA, R. A DE. **Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/BLUP**. 2007. 142p. Tese (Doutorado em Agronomia), Universidade Federal do Paraná, Curitiba.

OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; BESPALHOK, F. J. C.; ZAMBON, J. L. C.; IDO, O. T.; WEBER, H.; RESENDE, M. D. V. R.; ZENI-NETO, H. Seleção de famílias de cana-de-açúcar via modelos mistos. **Scientia Agraria**. v.9, n.3, p.269-274, 2008.

OLIVEIRA, E. J.; LIMA, D. S.; LUCENA, R. S.; MOTTA, T. B. N.; DANTAS, J. L. L. Correlações genéticas e análise de trilha para número de frutos comerciais por planta em mamoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v.45, n.8, p.855-862, 2010.

RESENDE, M. D. V. **Software Selegen Reml/Blup**. Embrapa Florestas : Colombo, 2002a. 67p.

RESENDE, M. D. V. **Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes**. Embrapa Informação Tecnológica: Brasília, 2002b. 975p.

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN - REML/BLUP. Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos**. Embrapa Florestas : Colombo, PR, 2006. 359p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n. 3, p.421-429, 2006.

SANTOS, C. A. F.; REIS, M. S.; SEDIYAMA, C. S.; CRUZ, C. D.; SEDIYAMA, T. Parâmetros genéticos e seleção indireta em progênies F6 de um cruzamento de soja (*Glycine max* (L.) ,(Merril). **Revista Ceres**, v. 42, n. 240, p. 155-166, 1995.

SILVA, G. C.; DE OLIVEIRA, F. J.; DA ANUNCIAÇÃO FILHO, C. J.; SIMÕES NETO, D.; E.; DE MELO, L. J. O. T. Importância de caracteres agroindustriais na determinação a divergência genética em genótipos cana-de-açúcar. **Revista Brasileira de Ciências Agrárias**. v.6, n.1, p.52-58, 2011.

SOUSA-VIEIRA, O. DE; MILLIGAN, S. B. Interrelationships of cane yield components and their utility in sugarcane family selection: path coefficient analysis. **Interciencia**, v.30, p.893-896, 2005.

SOUSA-VIEIRA, O. DE, MILLIGAN, S. B.; Effect of Intrarow Plant Spacing on the Effectiveness of Family Selection in Sugarcane: Selection Indices. **Interciencia**, v. 34, nº.12, p.893-896, 2009.

STRINGER, J.K.; COX, M.C.; ATKIN, F.C.; WEI, X; HOGARTH, D.M. Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. **Proc. Int. Soc. Sugar Cane Technol.**, Vol. 27, 2010.

WACLAWOVSKY, A. J.; SATO, P. M.; LEMBKE, C. G.; MOORE, P. H.; SOUZA, G. M. Sugarcane for bioenergy production: an assessment of yield and regulation of sucrose content. **Plant Biotechnology Journal**, v. 8, p.263-276, 2010.

CAPITULO II

DESEMPENHO DE FAMILIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR NA SELEÇÃO EM DIFERENTES FASES NO MELHORAMENTO GENÉTICO VIA REML/BLUP

4. CAPÍTULO II

DESEMPENHO DE FAMÍLIAS DE CANA-DE-AÇÚCAR NA SELEÇÃO EM DIFERENTES FASES NO MELHORAMENTO GENÉTICO VIA REML/BLUP

4.1. RESUMO

O objetivo deste trabalho foi selecionar as melhores famílias de cana-de-açúcar para aumento de produtividade (TCH) na fase T1 e acompanhar seu desenvolvimento nas fases T2 e T3 no programa de melhoramento genético. O experimento foi instalado na estação experimental de Paranaíba, situada no município de Paranaíba, PR. Foram avaliadas 35 famílias de irmão-germanos oriundos de cruzamentos biparentais na primeira fase (T1) e foram correlacionados com as famílias selecionadas nas etapas seguintes de seleção (T2 e T3), comparando a metodologia BLUPIS versus seleção massal. Dos 40 cruzamentos presentes em T1, 22 foram selecionadas para a fase seguinte T2. Destas 22, sete foram selecionadas para a fase T3, sendo resultados dos cruzamentos entre RB835486 e RB72454; RB855156 e SP70-1143; RB72454 e NA56-79; SP80-3280 e RB835054; RB835054 e SP83-2847; RB72454 e CP70-1133; RB835486 e SP83-2847; RB835054 e SP80-3280; SP80-1816 e RB855156; SP80-3280 e RB855589; e SP80-3280 e RB835486. A seleção via procedimento BLUPIS permitiu selecionar maior número de famílias potenciais para indicação de clones superiores, sendo que os clones com melhor performance nas fases seguintes foram selecionadas nas melhores famílias em T1.

Palavras-chave: *Saccharum spp.*, correlação genética, herdabilidade, melhoramento da cana-de-açúcar, modelos mistos.

EFFICIENCE ON SUGARCANE FAMILIES SELECTION BELONG DIFERENT PHASES IN GENETIC IMPROVEMENT BY REML/BLUP

4.2. ABSTRACT

The aim of this work was to select the best sugarcane families for biomass production (TSH) in T1 phase and comparish their development between T2 and T3 phases in a genetic improvement program. The experiment was established in Paranavaí experimental center, at Paranavaí city, in Paraná state. It was evaluated 35 full-sib families from bi-parental crosses in the T1 phase and was made a correlation with families selected in the following selection phases (T2 and T3), with a comparison between BLUPIS methodology versus mass selection. From 40 initial crosses in T1, 22 were selected to the next level (T2). From this 22 selected families, seven were selected to T3 level, results from crosses among RB835486 and RB72454; RB855156 and SP70-1143; RB72454 and NA56-79; SP80-3280 and RB835054; RB835054 and SP83-2847; RB72454 and CP70-1133; RB835486 and SP83-2847; RB835054 and SP80-3280; SP80-1816 and RB855156; SP80-3280 and RB855589; and SP80-3280 and RB835486. The BLUPIS procedure has allowed to select a greater number of potential families to indicate superior clones, while clones whit high performance in the next's phases was selected in the bests families in T1.

Key-words: *Saccharum spp.*, genetic correlation, herability, mixed models, sugarcane breeding.

4.3. INTRODUÇÃO

O objetivo geral dos programas de melhoramento de cana-de-açúcar é prover novas cultivares que ampliem a produtividade de energia (açúcar, etanol e fibras) (LANDELL e BRESSIANI, 2008). Uma nova forma de produção de energia é através da biomassa, que vem ganhando destaque nesse aspecto. Além de ser utilizada na geração de energia térmica na própria usina e ser vendido o excedente à rede elétrica para uso doméstico, a elaboração de etanol de segunda geração surgiu como uma nova alternativa que vem sendo pesquisada (ROSILLO-CALLE *et al.*, 2005). Neste contexto, cultivares de cana-de-açúcar com alto potencial de produção de biomassa são desenvolvidos por programas de melhoramento genético. A seleção indireta (via caracteres correlacionados) para produção de biomassa facilita a obtenção de ganhos para estes caracteres, em relação ao uso de seleção direta, porém estes caracteres podem apresentar baixa herdabilidade.

A seleção de famílias proporciona melhores resultados nas fases iniciais quando avaliados caracteres de baixa herdabilidade e o uso das estimativas de herdabilidade e do ganho genético de seleção são recomendadas para os mais diversos ambientes, então quando aliada à seleção individual de clones (seleção massal), a seleção de famílias proporciona maior eficiência (KIMBENG e COX, 2003; OLIVEIRA, 2007; PEDROZO, *et al.*, 2009)

A identificação de novas famílias superiores de cana-de-açúcar é importante, as quais fornecerão clones superiores com propósitos comerciais (BASTOS *et al.*, 2003; BARBOSA *et al.*, 2004).

O objetivo do presente estudo foi analisar e comparar famílias de irmão-germanos de cana-de-açúcar e sua seleção pelo método BLUPIS e massal, acompanhando as famílias em T1 presentes em T2 e T3, através dos valores genotípicos preditos de cada indivíduo, seleção de clones nas etapas seguintes a T1, correlações entre famílias selecionadas e seu potencial para aumento de produtividade.

4.4. MATERIAL E MÉTODOS

Para este trabalho foram utilizadas 40 famílias oriundas de cruzamentos de 35 genitores provenientes da Estação de Cruzamento Serra do Ouro, Município de Murici, Estado de Alagoas, e situada a 9°13' de latitude Sul, 35°50' de longitude Oeste e à altitude de 450 a 500 m. A população base, ou T1, como é chamada a primeira fase de seleção nos programas de melhoramento da cana-de-açúcar, foi avaliada em cana soca, no ano de 2003. Todas as fases de seleção foram feitas na Estação Experimental de Paranaíba, localizada no município de Paranaíba, norte do Paraná (23° 34'02,75" de latitude Sul e 52° 38'53,87" de longitude Oeste, e altitude média de 450 m). A adubação de base utilizada foi de 400 kg ha⁻¹, do formulado 5:25:25, na proporção de 20 kg ha⁻¹ de N, 100 kg ha⁻¹ de K₂O e 100 kg ha⁻¹ de P₂O₅. A adubação em soca foi de 400 kg ha⁻¹, do formulado 20:0:20, sendo a proporção de 80 kg de N ha⁻¹ e 80 kg de K₂O ha⁻¹ e com adubação de cobertura de 80 kg de N ha⁻¹.

O delineamento experimental na fase T1 foi em blocos incompletos com três repetições. Cada parcela experimental foi constituída por 15 plantas distribuídas em linhas, espaçadas por 0,5 m entre plantas e 1,4 m entre linhas, totalizando 45 indivíduos por família.

A seleção de genótipos na fase T1 que constituíram os tratamentos da fase T2 se baseou pelo seu desempenho a campo, considerando as variáveis descritas a continuação:

Massa de um colmo (M1C): foi obtido através da pesagem, em kg, sendo realizado a amostragem aleatória de dez colmos em cada parcela experimental, sendo obtido posteriormente a massa média de um colmo, em kg. Os colmos foram coletados manualmente, sendo feito posteriormente o desponte próximo à folha +5. A pesagem foi realizada no local do experimento, sendo utilizado um suporte móvel com um dinamômetro acoplado.

Número de colmos por metro linear (NCM): foi feita a contagem do número de colmos na parcela, dividindo-se pelo comprimento da parcela, obtendo-se o número de colmos por metro.

Número de colmos por touceira (NCT): foi feita a partir da contagem de colmos de uma única touceira.

Massa de uma touceira (M1T): foi calculada através da pesagem da touceira inteira.

Utilizando as características avaliadas foi possível estimar a variável TCH (tonelada de cana por hectare).

A característica TCH de cada indivíduo foi obtida através da seguinte formula proposta por LEITE *et al.* (2009):

$$TCH = (M1C \times NCM) \times 1000 / ESP.$$

Onde, ESP, refere-se ao espaçamento entre sulco (1,4 m).

Para análise das famílias na fase T1, utilizou-se do seguinte modelo estatístico associado à avaliação de famílias de irmão-germanos obtidas sob cruzamento dialélico desbalanceado, no delineamento de blocos incompletos, com uma observação por parcela:

$$y = Xr + Za + Wf + Ub + e$$

Em que: y , r , a , f , b , e : vetor de dados; dos efeitos de repetição (assumidos como fixos) somados à média geral; dos efeitos genéticos aditivos (assumidos como aleatórios); dos efeitos genéticos de dominância associado a famílias de irmãos germanos (assumidos como aleatórios); dos efeitos dos blocos incompletos (aleatórios); e de erros ou resíduos (aleatórios), respectivamente. X , Z , W e U : representam as matrizes de incidência para os efeitos de r , a , f e b , respectivamente.

A fase T2, da série RB01, ciclo precoce e tardio, foi selecionada no ano de 2004, com base nos caracteres de produção e sanidade vegetal. A avaliação foi feita no mês de abril e julho para os clones precoces e tardios. Cada parcela experimental foi composta por duas linhas de cinco metros, as linhas foram espaçadas de 1,4 metros entre si, composta por 195 clones selecionados da primeira fase de seleção (T1) no programa de melhoramento genético da cana-de-açúcar, através de seleção massal, sem repetições. O delineamento experimental foi em blocos aumentados (FEDERER, 1956). Cada bloco foi constituído por 15 plantas com três repetições.

Para análise das famílias na fase T2, utilizou-se do seguinte modelo estatístico para a avaliação de clones no delineamento de blocos aumentados com uma observação por parcela:

$$y = Xf + Zg + Wb + e$$

Em que: y , f , g , b , e : vetores de dados; de efeito fixo (média geral); de efeitos genotípicos de clones (aleatório); de efeitos de blocos (aleatório) e de erros aleatórios; respectivamente. X , Z e W : matrizes de incidência para f , g e b , respectivamente.

O programa computacional utilizado para realizar as análises foi o Sistema Estatístico e Seleção Genética Computarizada SELEGEN REML/BLUP, desenvolvido pela EMBRAPA (RESENDE, 2006). Os dados foram analisados via modelos mistos REML/BLUP, onde o REML (máxima verossimilhança restrita) permitiu estimar os parâmetros genéticos e BLUP (melhor predição linear não viciada) permitiu prever os valores genéticos aditivos e genotípicos.

Foi realizada a estimativa de correlação de Pearson entre o procedimento BLUPIS e o número de clones testados selecionados para a fase T2 precoce (P) e tardio (T), e para as médias genotípicas das famílias em T1 e com as médias genotípicas das famílias em T2. A significância da correlação foi determinada pelo teste t de Student.

Quantificou-se o número de clones selecionados dentro das famílias, sendo posteriormente estimado a porcentagem de seleção dentro destas. Foi realizado o teste de hipótese de Qui-quadrado (χ^2) de Pearson a fim de avaliar se as proporções observadas dentro das famílias mostraram ou não diferenças significativas.

4.5. RESULTADOS E DISCUSSAO

Os componentes de variância e os parâmetros genéticos estimados pelo REML/BLUP no estudo das famílias de irmão-completos das fases T1 e T2 estão apresentados na Tabela 4.1.

TABELA 4.1. Estimativa dos componentes de variância e parâmetros genéticos¹ para tonelada de cana por hectare (TCH), em T1 e T2 precoce (P) e tardio (T), série RB01. Curitiba, PR, 2012.

Parâmetros	T1	T2 (P)	T2 (T)
σ_a^2	103,48	-	-
σ_g^2	-	477,286	1226,480
σ_{bl}^2	-	6,342	0,026
σ_e^2	90,6975	156,199	628,586
σ_d^2	30,3648	-	-
σ_y^2	288,8733	639,827	1855,092
h_a^2	0,3582 +- 0,176	-	-
h_g^2	0,7787	0,745961 +- 0,2329	0,661142 +- 0,1202
h_{mf}^2	0,9451	-	-
h_{mc}^2	-	0,753	0,661
C_{bloc}^2	0,2227	0,010	0,000
C_{fam}^2	0,1051	-	-
$AC_{fam/clon}$	0,9721	0,868	0,813
$CV_{gi}\%$	18,8142	21,933	31,941
$CV_e\%$	20,1398	12,547	22,867
$CV_r\%$	0,9342	1,748	1,397
Média geral	48,1616	99,606	109,643

Nota ¹ Herdabilidade individual no sentido restrito (h_a^2), herdabilidade individual no sentido amplo (h_g^2), herdabilidade da média da família no sentido amplo (h_{mf}^2), herdabilidade da média do genótipo, assumindo sobrevivência completa (h_{mc}^2), variância genética aditiva (σ_a^2), variância genotípica (σ_g^2), variância genética de dominância entre famílias (σ_d^2), variância entre blocos (σ_{bl}^2), variância residual entre parcelas (σ_e^2), variância fenotípica individual (σ_y^2), coeficiente de determinação dos efeitos das famílias (C_{fam}^2), coeficiente de determinação dos efeitos do bloco (C_{bloc}^2), desvio padrão do valor genotípico predito (SEP), acurácia seletiva entre famílias/da seleção de genótipos ($AC_{fam/clon}$), coeficiente de variação genética ($CV_{gi}\%$), coeficiente de variação ambiental ($CV_e\%$), coeficiente de variação relativa ($CV_r\%$) e Média Geral.

Verificou-se que para o caráter TCH, a variação foi explicada tanto pelo efeito genético aditivo dos parentais utilizados nas hibridações, como também pelo efeito genético de dominância, havendo portanto, híbridos de cruzamentos que superaram a média dos genitores. A seleção das famílias promissoras para a variável TCH em T1 foi baseada na metodologia BLUPIS, proposta por Resende e Barbosa (2006), que

permite a seleção considerando informações totais das parcelas, pois as mesmas são colhidas totalmente. A seleção via BLUPIS permite determinar o número de indivíduos a ser selecionados dentro das famílias, o número total de indivíduos a serem selecionados e o número de famílias a serem selecionadas. Famílias com efeitos genotípicos negativos são eliminadas automaticamente, por estarem abaixo da média geral do experimento, pois haveria baixíssima probabilidade de se obter um clone promissor dentro destas famílias (RESENDE, BARBOSA, 2005, 2006).

Os coeficientes de variação genética (CVg%) indicaram haver variabilidade com possibilidade de seleção para aumento de produtividade, representado pela variável TCH em todas as fases de seleção (T1, T2 P e T2 T), com valores de 19,57, 21,93 e 31,94% respectivamente. Valores acima de 10%, já indicam haver variabilidade genética com possibilidade de seleção, conforme relatado por Oliveira *et al.* (2011).

Outro parâmetro a ser considerado refere-se à acurácia da seleção dos genótipos, de forma que quanto maior o valor desse parâmetro na avaliação para um determinado caráter, maior é a confiança na avaliação e nos valores genotípicos preditos dos genótipos para um determinado caráter (PEDROZO, 2006). Ao trabalhar com seleção de famílias, é possível obter um maior número de informações de progenitores e parentes, aumentando o número de informações, permitindo elevar a acurácia seletiva de seleção de baixa para moderada (OLIVEIRA, 2007; RESENDE 2002). Os dados da Tabela 4.1 apresentam os valores de acurácia para T1, T2 P e T2 T, sendo elevados, com valores de 0,97, 0,86 e 0,81 respectivamente.

Os valores genotípicos (Vgc) das 22 famílias presentes em T2, a partir da seleção em T1, estão presentes na Tabela 4.2, para a variável TCH.

TABELA 4.2 Valores genotípicos (Vgc) e média geral das famílias presentes em T1, T2 precoce (P) e T2 tardio (T) para a variável tonelada de cana por hectare (TCH). Série RB01. Curitiba, PR, 2012.

RDS 1. Curitiba, PR, 2012.								
Clas	T1		Clas	T2 (P)		Clas	T2 (T)	
	Famílias	Vgc		Vgc	Vgc			
1	SP80-3280xRB855589	63,85	5	97,44	18	96,10		
2	SP80-3280xRB835486	61,36	3	102,28	6	117,41		
3	RB835486xRB72454	60,31	-	-	11	112,73		
4	SP80-1816xRB855156	59,72	7	96,25	5	118,40		
5	RB835486xSP83-2847	56,98	11	66,28	12	111,15		
6	RB855156xSP70-1143	56,83	1	133,88	15	105,32		
7	SP70-1143xRB72454	56,53	-	-	4	122,87		
8	IAC87-3396xRB72454	55,30	-	-	1	172,36		
9	RB72454xL60-14	53,66	-	-	20	94,34		
10	RB855186xRB865547	52,59	-	-	19	95,19		
11	RB72454xIAC87-3396	51,86	-	-	9	113,06		
12	RB855113xRB835054	48,43	-	-	7	116,89		
13	RB745464xRB855127	48,41	-	-	2	154,35		
14	TUC71-7xRB72454	47,93	10	80,60	21	92,14		
15	RB835054xSP80-3280	47,84	6	96,51	3	125,48		
16	RB72454xCP70-1133	45,81	4	99,17	16	100,24		
17	SP80-3280xRB835054	45,34	-	-	10	112,98		
18	RB835054xSP83-2847	42,90	2	108,26	8	113,18		
19	NA56-79xSP80-3280	41,88	8	91,09	14	107,03		
20	RB865547xRB855186	41,74	9	89,96	17	98,06		
21	NA56-79xRB72454	40,90	-	-	22	74,46		
22	RB72454xNA56-79	40,90	-	-	13	109,34		
Média das 22 familias selecionadas		50,96		96,52		111,95		
Média das 40 famílias		49,67		99,60		109,64		

- Famílias não selecionadas

Conforme os dados apresentados na Tabela 4.2, pode-se observar que os valores genotípicos médios das famílias aumentam após a primeira fase de seleção. Por exemplo, para a melhor família (SP80-3280 X RB855589), o Vgc em T1 de 63,85, aumenta para 97,44 em T2, demonstrando que ao utilizar genitores com valores genotípicos elevados para variáveis de interesse, como TCH, a possibilidade de gerar clones com valores elevados é muito alta.

Na análise do T1, das 22 famílias selecionadas 11 encontram-se acima da média destas melhores famílias (50,96 t.ha⁻¹). Na seleção em T2 P, seis famílias

superam a média geral das 22 famílias de 96,52 t.ha⁻¹ e em T2 T, 11 famílias encontram-se acima da média de 111,96 t.ha⁻¹.

A seleção das 11 famílias em T1 proporciona um ganho médio de 12,21%. Considerando as mesmas famílias selecionadas na fase T2, o ganho foi de 15,77%. Considerando isto, 50 % da seleção destas famílias proporcionam ganhos acima da média. O número inicial de indivíduos que foram plantados em T1 foi capaz de fornecer bons resultados na seleção de indivíduos promissores, pois segundo Resende e Barbosa (2005) com 50 indivíduos de cada família se conseguiriam níveis próximos de 98% da representatividade da família. Aumentando a amostragem dentro das famílias acima de 50 indivíduos, possibilita pouca contribuição para adicionar indivíduos diferentes nas amostras, sendo adicionados mais indivíduos médios e poucos indivíduos extremos. Este tipo de seleção é utilizada quando se tem um grande número de dados, facilitando assim a análise dos dados com precisão elevada.

Observa-se um maior número de clones selecionados em T2 T em relação a T2 P, seis e 11 respectivamente. Isto ocorre, pois na seleção no ciclo precoce há maior ênfase na escolha de famílias com riqueza de açúcar, e no ciclo tardio procura-se selecionar com base em componentes industriais. Estes caracteres são diretos de TCH, que ao permanecer maior tempo a campo podem se desenvolver melhor, e por conseqüente, aumentar a massa, número de colmos, altura, diâmetro, entre outros caracteres indiretos para aumento de produtividade.

O número de indivíduos selecionados em T1 através da metodologia BLUPIS e número de clones selecionados através de seleção massal em T2 (P e T) estão apresentados na Tabela 4.3.

Conforme os resultados, a metodologia BLUPIS indicou a seleção de 226 indivíduos pertencentes a 11 famílias com efeitos genéticos positivos e que avançaram para a fase de seleção T2. Ao considerar as cinco melhores famílias, resultantes dos cruzamentos SP80-3280 x RB855589; SP80-3280 x RB835486; RB835486 x RB72454; SP80-1816 x RB855156; e RB835486 x SP83-2847, o número de indivíduos indicados foi de 147, que representa aproximadamente 65 % do total de indivíduos indicado pelo BLUPIS.

TABELA 4.3 Número de indivíduos selecionados dentro das famílias em T1 via método BLUPIS (variável TCH) e número de clones selecionados em T2 precoce (P) e tardio (T) via seleção massal em famílias de irmãos completos de cana-de-açúcar. Série RB01. Curitiba, PR, 2012.

Clas. ⁽¹⁾	T1		T2 (P)	T2 (T)
	Família	Blupis (n _k)(n _i =50)	Clones sel*	Clones sel*
1	SP80-3280xRB855589	39	4	2
2	SP80-3280xRB835486	32	11	21
3	RB835486xRB72454	29	**	13
4	SP80-1816xRB855156	27	13	8
5	RB835486xSP83-2847	20	1	4
6	RB855156xSP70-1143	20	1	2
7	SP70-1143xRB72454	19	**	11
8	IAC87-3396xRB72454	15	**	1
9	RB72454xL60-14	11	**	3
10	RB855186xRB865547	8	**	2
11	RB72454xIAC87-3396	6	**	2
12	RB855113xRB835054	0	**	5
13	RB745464xRB855127	0	**	15
14	TUC71-7xRB72454	0	2	**
15	RB835054xSP80-3280	0	4	11
16	RB72454xCP70-1133	0	2	5
17	SP80-3280xRB835054	0	**	22
18	RB835054xSP83-2847	0	1	5
19	NA56-79xSP80-3280	0	1	2
20	RB865547xRB855186	0	1	4
21	NA56-79xRB72454	0	**	2
22	RB72454xNA56-79	0	**	1
Total		226	41	141

⁽¹⁾: Classificação de famílias com base no n° de genótipos selecionados pelo procedimento BLUPIS;

*: Numero de clones selecionados dentro da família. **: Indivíduos não selecionados dentro das famílias.

Na seleção massal, o número total de indivíduos selecionados dentro das 22 famílias (Tabela 4.3) foi de 41 em T2 P e de 141 para T2 T. O maior número de clones selecionados no ciclo tardio deve-se à seleção feita nesta fase dar maior ênfase a caracteres industriais. Nota-se, portanto, que o número total de indivíduos selecionados apenas nas famílias com efeitos genotípicos positivos, foi inferior aos indicados na seleção via BLUPIS. Deve-se lembrar que a seleção massal baseia-se em caracteres indiretos de produção, podendo levar a menor eficiência seletiva de indivíduos promissores para esta característica, pois apenas considera os efeitos fenotípicos. Isto pode ser corroborado observando a seleção da melhor família via BLUPIS (SP80-3280 e RB855589) que indicou 39 indivíduos dentro da família, e na

seleção massal foram selecionados apenas quatro indivíduos em T2 T e dois indivíduos em T2 P.

A correlação entre a fase T1, T2 P e T2 T foi calculada a partir da seleção de famílias com ganho genético acima da média geral, presentes nas duas fases de seleção Indicados pelo procedimento BLUPIS, para a variável TCH (tonelada de cana por hectare) e para as frequências de seleção nas diferentes fases em T2. As correlações entre T1, T2 precoce (P) e T2 tardio (T) estão presentes na Tabela 4.4.

TABELA 4.4 Estimativa dos coeficientes de correlação de Pearson entre T1 e T2 tardio (T), T1 e T2 precoce (P), T1 e T2 a partir de 35 famílias de irmão-germanos da série RB01. Curitiba, PR, 2012.

Descrição	r	α
Blupis T1 e clones em T2 (T)	0,43	0,060
Media TCH T1 e T2 (T)	-0,16	0,496
Blupis T1 e clones em T2 (P)	0,76*	0,019
Media TCH T1 e T2 (P)	0,18	0,659
Blupis em T1 e clones em Σ T2	0,72**	0,008
Média TCH T1 e T2	0,07	0,844

**, * : Significativo a 1 e 5 % de probabilidade pelo teste t de Student. ^{ns}: não significativo

Ao comparar a seleção em T1 via procedimentos BLUPIS com a seleção massal na fase T2 (Tabela 4.4), conferiu-se uma correlação de $r=0,72^{**}$, demonstrando eficiência na seleção via BLUPIS e massal. Porém, quando observada a correlação para TCH, a mesma apresentou baixo valor (0,07). O mesmo valor baixo pode ser observado para as correlações de médias de TCH entre BLUPIS em T1 e T2 P (-0,16) e T2 T (0,18). Isto se deve à seleção de TCH envolver caracteres indiretos, que podem ser influenciados nos diferentes ambientes e fases de seleção. Outra explicação para este baixo número de indivíduos selecionados dentro das melhores famílias é devido à seleção massal ser realizada com base em características fenotípicas, sendo descartados indivíduos que possuíam alguma característica desfavorável, como por exemplo, sintomas de doenças, pouco perfilhamento, entre outros.

A porcentagem de seleção das famílias em T1, T2 e T3 estão presentes na Figura 4.1. Das 40 famílias avaliadas em T1 foram selecionadas 22 para compor T2, com base nos caracteres indiretos de seleção para TCH, sendo estes: massa de um colmo (M1C kg), número de colmos por touceira (NCT), número de colmos por metro linear (NCM) e massa de uma touceira (M1T kg). As sete famílias que apresentaram maior porcentagem de seleção foram resultado do cruzamento entre os genitores: RB835054 x SP83-2847; RB72454 x CP70-1143; RB835486 x SP83-2847; RB835054

x SP80-3280; SP80-1816 x RB855156; SP80-3280 x RB855589; e SP80-3280 x RB835486; e suas respectivas porcentagens de seleção foram de 6,15 %, 7,2 %; 9,7 %; 12,3 %; 12,8 % e 16,9 %, respectivamente.

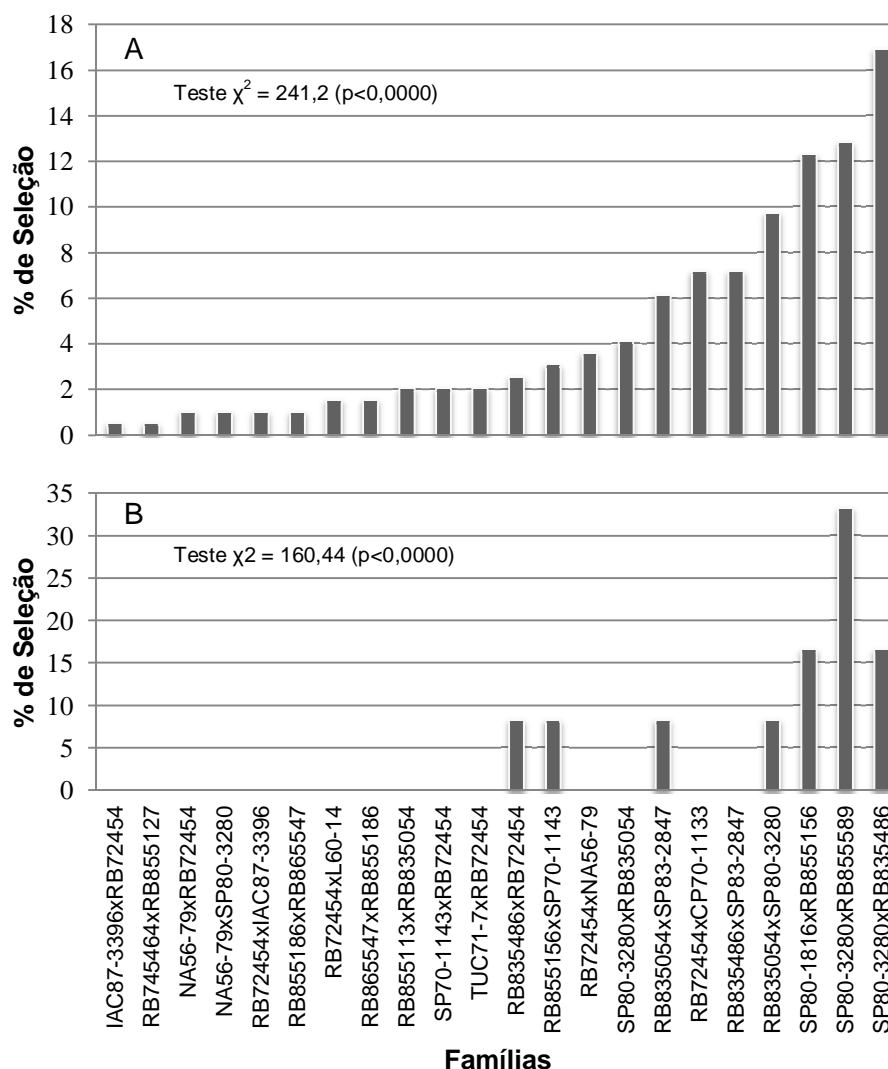


FIGURA 4.1 Porcentagem de clones selecionados dentro das famílias nas fases do melhoramento. A) clones selecionados em T1 para constituir a fase T2. B) Clones selecionados na fase T2 para constituir a fase T3. Série RB01. Curitiba, PR, 2012.

As melhores famílias selecionadas em T2 que constituíram o T3 foram sete, resultado dos cruzamentos entre: RB835486 x RB72454; RB855156 x SP70-1143; RB835054 x SP83-2847; RB835054 x SP80-3280; SP80-1816 x RB855156; SP80-3280 x RB855589; e SP80-3280 x RB835486. A porcentagem de seleção destas famílias foi de: 8,3%, 8,3%; 8,3%; 8,3%; 16,6%; 33,3% e 16,6% respectivamente sendo cinco em comum com as que apresentaram maiores porcentagens na seleção

via procedimento BLUPIS em T1 (Figura 4.1). Observando-se a Figura, a família oriunda do cruzamento entre SP80-3280 e RB835486 com o maior valor de seleção entre as 22 famílias testadas em T1 (16,9 %) aparece com o segundo maior valor de BLUPIS, calculado na Tabela 4.3 (32). Este mesmo resultado se repete quando observada a seleção massal em T2, onde esta mesma família está presente com elevados valores de seleção, sendo 11 indivíduos selecionados em T2 P e 21 indivíduos selecionados em T2 T (segundos maiores valores na seleção massal). A razão das famílias com altas porcentagens de seleção no T2 ser baixo ou nulo no T3, deve-se a problemas a campo. Por exemplo, a família resultante do cruzamento RB72454 e NA56-79, SP80-3280 e RB835054, RB72454 e CP70-1133, e RB835486 e SP83-2847 apresentaram sintomas de carvão, sendo descartadas ou sendo selecionadas apenas aquelas que não apresentaram sintomas. O mesmo aconteceu com a família resultante do cruzamento entre SP80-3280 e RB835486, que poderia ter tido maiores taxas de seleção em T3. Esta família apresentou incidência de ferrugem no campo, sendo descartadas aquelas que apresentaram os sintomas.

4. CONCLUSÕES

O procedimento BLUPIS apresentou alta correlação com a seleção massal ao indicar o número de clones potenciais para avançar para a fase seguinte (T2).

A seleção utilizando informações geradas pelo método BLUPIS, dentro das famílias com valores genotípicos acima da média experimental em T1, pode possibilitar maior taxa de clones selecionados em T2 e com maior probabilidade de avançar para as etapas seguintes do melhoramento genético.

As melhores famílias em T1 e que foram testadas nas fases seguintes possibilitaram a obtenção de maior número de clones promissores e neste estudo foram provenientes dos cruzamentos resultantes de: SP80-1816 e RB855156; SP80-3280 e RB855589 e SP80-3280 e RB835486.

O procedimento BLUPIS, quando comparada com a seleção massal possibilita elevada eficiência em identificar maior número de clones promissores visando aumento de produtividade.

5. REFERENCIAS

- BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; BRESSIANI, J. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DA SILVA, F. L. e DE FIGUEREIDO, I. C. L. Use of REML/BLUP for the selection of sugarcane families specialized in biomass production. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**. v.4. p.218-226, 2004.
- BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; CRUZ, C. D.; BURNQUIST, W. L.; BRESSIANI, J. A.; SILVA, F. L. Análise dialélica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**. v.62, p.199-206, 2003.
- FEDERER, W. T. Augmented (or Hoonuiaku) designs. **The Hawaiian Planters' Record**, v. 55, p.191-208, 1956.
- KIMBENG, C. A.; COX, M. C. Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: a review. **Journal American Society of Sugarcane Technologists**. v.23, p.20-39, 2003.
- LANDELL, M. G. A.; BRESSIANI, J. A. Melhoramento genético, caracterização e manejo varietal. In: DINARDO-MIRANDA, L. L.; VASCONCELOS, A. C. M.; LANDELL, M. G. A. **Cana-de-açúcar**. Campinas, SP: Instituto Agronômico. p.101-155. 2005.
- LEITE, M. S. O.; PETERNELLI, L. A.; BARBOSA, M. H. P.; CECON, P. R.; CRUZ, C. D. Sample size for full-sib family evaluation in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p.1562-1574, 2009.
- OLIVEIRA, R. A. DE. **Seleção de famílias de maturação precoce em cana-de-açúcar via REML/BLUP**. 2007. 142p. Tese (Doutorado em Agronomia), Universidade Federal do Paraná, Curitiba.
- OLIVEIRA, R. A.; DAROS, E.; RESENDE, M. D. V.; BESPALHOK-FILHO, J. C.; ZAMBON, J. L. C.; DE SOUZA, T. R.; FERNANDEZ LUCIUS, A. S. Procedimento Blupis e seleção massal em cana-de-açúcar. **Bragantia**, v. 70, n. 4, p.1-5, 2011.
- PEDROZO, C. A. **Eficiência da seleção em fases iniciais no melhoramento da cana-de-açúcar**. 2006. 109f. Dissertação (Mestrado em Agronomia), Universidade Federal de Viçosa, Minas Gerais.

PEDROZO, C. A.; BENITES, F. R. G.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; DA SILVA, F. L. Eficiência de índices de seleção utilizando a metodologia REML/BLUP no melhoramento da cana-de-açúcar. **Scientia Agraria**. v.10, n.1, p.31-36, 2009.

RESENDE, M. D. V. **O software Selegen REML/BLUP**. Colombo. Embrapa Informação Tecnológica, 2002. 67 p. (Documentos - 77).

RESENDE, M. D. V. **SELEGEN - REML/BLUP. Sistema Estatístico e Seleção Genética Computadorizada via Modelos Lineares Mistos**. Embrapa Florestas: Colombo, PR, 2006. 359p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. **Melhoramento genético de plantas de propagação assexuada**. Embrapa Informação Tecnológica : Colombo, 2005. 130p.

RESENDE, M. D. V.; BARBOSA, M. H. P. Selection via simulated BLUP based on family genotypic effects in sugarcane. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, n. 3, p.421-429, 2006.

ROSILLO-CALLE, F.; BAJAY, S. V. e ROTHMAN, H. **Uso da biomassa para produção de energia na indústria brasileira**. Campinas, SP: Editora da Unicamp, 2005. 448p.